

950606, p10per/cjh, HTV 1.

323
- 212 -

CLAIMS:

1. An isolated HIV-1 strain or a component, part, fragment or derivative thereof which is substantially non-pathogenic.
2. A strain of HIV-1 according to claim 1 wherein said strain is capable of stimulating an immune response in a human or primate against at least one glycoprotein on HIV-1 whilst not substantially reducing proliferative responses and cytokine production to a mitogen in said human or primate compared to a healthy, non-infected human or primate subject.
3. A strain of HIV-1 according to claim 2 which carries one or more mutations in its genome resulting in the inability to direct synthesis of at least one polypeptide or protein from a pathogenic strain of HIV-1 or results in reduced synthesis of said polypeptide or protein.
4. A strain of HIV-1 according to claim 2 which carries one or more mutations in its genome resulting in the said genome directing synthesis of a truncated form of a polypeptide or protein from a pathogenic strain of HIV-1.
5. A strain of HIV-1 according to claim 3 or 4 wherein said strain carries a mutation in its *nef* gene and/or long terminal repeat (LTR) region or in a functionally equivalent location in the HIV-1 genome.
6. A strain of HIV-1 according to claim 5 wherein said strain is reactive to antibodies to gp41-45, gp120 and/or gp160 of HIV-1 and carries a deletion of at least ten contiguous nucleotides in a region corresponding to the *nef* gene and/or LTR region of pathogenic HIV-1.
7. A strain of HIV-1 according to claim 6 wherein said strain encodes a modified Nef protein without amino acids 162 to 177 of wild-type HIV-1_{NL43} Nef.

324
- 213 -

- | | | |
|------------|-------|----------------|
| nucleotide | (ix) | 8882-8928; |
| | (x) | 8850-9006; |
| | (xi) | 8792-9041; and |
| | (xii) | 9112-9204. |

[illegible]



325
- 214 -

| | | |
|------------|--------|----------------|
| nucleotide | (xiii) | 9105-9224 |
| | (xiv) | 9389-9395; and |
| | (xv) | 9281-9366. |

| | |
|----------------------------|-----------------------------|
| ATGGGTGGCA (SEQ ID NO:2); | TGGGTGGCAA (SEQ ID NO:3); |
| GGGTGGCAAG (SEQ ID NO:4); | GGTGGCAAGT (SEQ ID NO:5); |
| GTGGCAAGTG (SEQ ID NO:6); | TGCCAAGTGG (SEQ ID NO:7); |
| GGCAAGTGGT (SEQ ID NO:8); | GCAAGTGGTC (SEQ ID NO:9); |
| CAAGTGGTCA (SEQ ID NO:10); | AAAGTGGTCAA (SEQ ID NO:11); |
| AGTGGTCAAA (SEQ ID NO:12); | GTGGTCAAAA (SEQ ID NO:13); |
| TGGTCAAAAA (SEQ ID NO:14); | GGTCAAAAAG (SEQ ID NO:15); |
| GTCAAAAAGT (SEQ ID NO:16); | TCAAAAAGTA (SEQ ID NO:17); |
| CAAAAAGTAG (SEQ ID NO:18); | AAAAAGTAGT (SEQ ID NO:19); |
| AAAAGTAGTG (SEQ ID NO:20); | AAAGTAGTGT (SEQ ID NO:21); |
| AAGTAGTGTG (SEQ ID NO:22); | AGTAGTGTGA (SEQ ID NO:23); |
| GTAGTGTGAT (SEQ ID NO:24); | TAGTGTGATT (SEQ ID NO:25); |
| AGTGTGATTG (SEQ ID NO:26); | GTGTGATTGG (SEQ ID NO:27); |
| TGTGATTGGA (SEQ ID NO:28); | GTGATTGGAT (SEQ ID NO:29); |
| TGATTGGATG (SEQ ID NO:30); | GATTGGATGG (SEQ ID NO:31); |
| ATTGGATGGC (SEQ ID NO:32); | TTGGATGGCC (SEQ ID NO:33); |
| TGGATGGCCT (SEQ ID NO:34); | GGATGGCCTG (SEQ ID NO:35); |
| GATGGCCTGC (SEQ ID NO:36); | ATGGCCTGCT (SEQ ID NO:37); |
| TGGCCTGCTG (SEQ ID NO:38); | GGCCTGCTGT (SEQ ID NO:39); |
| GCCTGCTGTA (SEQ ID NO:40); | CCTGCTGTAA (SEQ ID NO:41); |
| CTGCTGTAAG (SEQ ID NO:42); | TGCTGTAAGG (SEQ ID NO:43); |
| GCTGTAAGGG (SEQ ID NO:44); | CTGTAAGGGA (SEQ ID NO:45); |
| TGTAAGGGAA (SEQ ID NO:46); | GTAAGGGAAA (SEQ ID NO:47); |
| TAAGGGAAAG (SEQ ID NO:48); | AAGGGAAAGA (SEQ ID NO:49); |
| AGGGAAAGAA (SEQ ID NO:50); | GGGAAAGAAT (SEQ ID NO:51); |
| GGAAAGAATG (SEQ ID NO:52); | GAAAGAATGA (SEQ ID NO:53); |

THE UNIVERSITY OF CHICAGO

950606.pcr.pcr.hb 3.7.95

326
- 215 -

AAAGAATGAG (SEQ ID NO:54); AAGAATGAGA (SEQ ID NO:55);
AGAATGAGAC (SEQ ID NO:56); GAATGAGACG (SEQ ID NO:57);
AATGAGACGA (SEQ ID NO:58); ATGAGACGAG (SEQ ID NO:59);
TGAGACGAGC (SEQ ID NO:60); GAGACGAGCT (SEQ ID NO:61);
AGACGAGCTG (SEQ ID NO:62); GACGAGCTGA (SEQ ID NO:63);
ACGAGCTGAG (SEQ ID NO:64); CGAGCTGAGC (SEQ ID NO:65);
GAGCTGAGCC (SEQ ID NO:66); AGCTGAGCCA (SEQ ID NO:67);
GCTGAGCCAG (SEQ ID NO:68); CTGAGCCAGC (SEQ ID NO:69);
TGAGCCAGCA (SEQ ID NO:70); GAGCCAGCAG (SEQ ID NO:71);
AGCCAGCAGC (SEQ ID NO:72); GCCAGCAGCA (SEQ ID NO:73);
CCAGCAGCAG (SEQ ID NO:74); CAGCAGCAGA (SEQ ID NO:75);
AGCAGCAGAT (SEQ ID NO:76); GCAGCAGATG (SEQ ID NO:77);
CAGCAGATGG (SEQ ID NO:78); AGCAGATGGG (SEQ ID NO:79);
GCAGATGGGG (SEQ ID NO:80); CAGATGGGGT (SEQ ID NO:81);
AGATGGGGTG (SEQ ID NO:82); GATGGGGTGG (SEQ ID NO:83);
ATGGGGTGGG (SEQ ID NO:84); TGGGGTGGGA (SEQ ID NO:85);
GGGGTGGGAG (SEQ ID NO:86); GGGTGGGAGC (SEQ ID NO:87);
GGTGGGAGCA (SEQ ID NO:88); GTGGGAGCAG (SEQ ID NO:89);
TGGGAGCAGT (SEQ ID NO:90); GGGAGCAGTA (SEQ ID NO:91);
GGAGCAGTAT (SEQ ID NO:92); GAGCAGTATC (SEQ ID NO:93);
AGCAGTATCT (SEQ ID NO:94); GCAGTATCTC (SEQ ID NO:95);
CAGTATCTCG (SEQ ID NO:96); AGTATCTCGA (SEQ ID NO:97);
GTATCTCGAG (SEQ ID NO:98); TATCTCGAGA (SEQ ID NO:99);
ATCTCGAGAC (SEQ ID NO:100); TCTCGAGACC (SEQ ID NO:101);
CTCGAGACCT (SEQ ID NO:102); TCGAGACCTA (SEQ ID NO:103);
CGAGACCTAG (SEQ ID NO:104); GAGACCTAGA (SEQ ID NO:105);
AGACCTAGAA (SEQ ID NO:106); GAGCTAGAAA (SEQ ID NO:107);
ACCTAGAAAA (SEQ ID NO:108); CCTAGAAAAA (SEQ ID NO:109);
CTAGAAAAAC (SEQ ID NO:110); TAGAAAAACA (SEQ ID NO:111);
AGAAAAACAT (SEQ ID NO:112); GAAAAACATG (SEQ ID NO:113);
AAAAACATGG (SEQ ID NO:114); AAAACATGGA (SEQ ID NO:115);
AAACATGGAG (SEQ ID NO:116); AACATGGAGC (SEQ ID NO:117);
ACATGGAGCA (SEQ ID NO:118); CATGGAGCAA (SEQ ID NO:119);
ATGGAGCAAT (SEQ ID NO:120); TGGAGCAATC (SEQ ID NO:121);
GGAGCAATCA (SEQ ID NO:122); GAGCAATCAC (SEQ ID NO:123);
AGCAATCACA (SEQ ID NO:124); GCAATCACAA (SEQ ID NO:125);
CAATCACAAG (SEQ ID NO:126); AATCACAAGT (SEQ ID NO:127);
ATCACAAGTA (SEQ ID NO:128); TCACAAGTAG (SEQ ID NO:129);

516742 4366:#34/34

450606.ppt/oper/ajh_HIV1. 6

327
- 216 -

| | |
|-------------------------------|--------------------------------|
| CACAAGTAGAGC (SEQ ID NO:130); | ACAAAGTAGAGCA (SEQ ID NO:131); |
| CAAGTAGCAA (SEQ ID NO:132); | AAGTAGCAAT (SEQ ID NO:133); |
| AGTAGCAATA (SEQ ID NO:134); | GTAGCAATAC (SEQ ID NO:135); |
| TAGCAATACA (SEQ ID NO:136); | AGCAATACAG (SEQ ID NO:137); |
| GCAATACAGC (SEQ ID NO:138); | CAATACAGCA (SEQ ID NO:139); |
| AATACAGCAG (SEQ ID NO:140); | ATACAGCAGC (SEQ ID NO:141); |
| TACAGCAGCT (SEQ ID NO:142); | ACAGCAGCTA (SEQ ID NO:143); |
| CAGCAGCTAA (SEQ ID NO:144); | AGCAGCTAAC (SEQ ID NO:145); |
| GCAGCTAACA (SEQ ID NO:146); | CAGCTAACAA (SEQ ID NO:147); |
| AGCTAACAAAT (SEQ ID NO:148); | GCTAACAAATG (SEQ ID NO:149); |
| CTAACAAATGC (SEQ ID NO:150); | TAACAATGCT (SEQ ID NO:151); |
| AACAATGCTG (SEQ ID NO:152); | ACAATGCTGC (SEQ ID NO:153); |
| CAATGCTGCT (SEQ ID NO:154); | AATGCTGCTT (SEQ ID NO:155); |
| ATGCTGCTTG (SEQ ID NO:156); | TGCTGCTTGT (SEQ ID NO:157); |
| GCTGCTTG TG (SEQ ID NO:158); | CTGCTTG TG C (SEQ ID NO:159); |
| TGCTTG TG CC (SEQ ID NO:160); | GCTTG TG CCT (SEQ ID NO:161); |
| CTTG TG CCTG (SEQ ID NO:162); | TTTG GCCTGG (SEQ ID NO:163); |
| TGTG CCTGGC (SEQ ID NO:164); | GTG CCTGGCT (SEQ ID NO:165); |
| TG CCTGGCTA (SEQ ID NO:166); | GCCTGGCTAG (SEQ ID NO:167); |
| CCTGGCTAGA (SEQ ID NO:168); | CTGGCTAGAA (SEQ ID NO:169); |
| TGGCTAGAAG (SEQ ID NO:170); | GGCTAGAAGC (SEQ ID NO:171); |
| GCTAGAAGCA (SEQ ID NO:172); | CTAGAAGCAC (SEQ ID NO:173); |
| TAGAAGCACA (SEQ ID NO:174); | AGAAGCACAA (SEQ ID NO:175); |
| GAAGCACAAAG (SEQ ID NO:176); | AAGCACAAAG (SEQ ID NO:177); |
| AGCACAAAGAG (SEQ ID NO:178); | GCACAAGAGG (SEQ ID NO:179); |
| CACAAGAGGA (SEQ ID NO:180); | ACAAGAGGAG (SEQ ID NO:181); |
| CAAGAGGAGG (SEQ ID NO:182); | AAGAGGAGGA (SEQ ID NO:183); |
| AGAGGAGGAA (SEQ ID NO:184); | GAGGAGGAAG (SEQ ID NO:185); |
| AGGAGGAAGA (SEQ ID NO:186); | GGAGGAAGAG (SEQ ID NO:187); |
| GAGGAAGAGG (SEQ ID NO:188); | AGGAAGAGGT (SEQ ID NO:189); |
| GGAAGAGGTG (SEQ ID NO:190); | GAAGAGGTGG (SEQ ID NO:191); |
| AAGAGGTGGG (SEQ ID NO:192); | AGAGGTGGGT (SEQ ID NO:193); |
| GAGGTGGGTT (SEQ ID NO:194); | AGGTGGGTTT (SEQ ID NO:195); |
| GGTGGGTTTT (SEQ ID NO:196); | GTGGGTTTTTC (SEQ ID NO:197); |
| TGGGTTTTTCC (SEQ ID NO:198); | GGGTTTTTCCA (SEQ ID NO:199); |
| GGTTTTTCCAG (SEQ ID NO:200); | GTTTTTCCAGT (SEQ ID NO:201); |
| TTTTCCAGTC (SEQ ID NO:202); | TTTCCAGTCA (SEQ ID NO:203); |
| TTCCAGTCAC (SEQ ID NO:204); | TCCAGTCACA (SEQ ID NO:205); |

950606.prtoper@h.fhv

328
-211-

CCAGTCACAC (SEQ ID NO:206); CAGTCACACC (SEQ ID NO:207);
AGTCACACCT (SEQ ID NO:208); GTCACACCTC (SEQ ID NO:209);
TCACACCTCA (SEQ ID NO:210); CACACCTCAG (SEQ ID NO:211);
ACACCTCAGG (SEQ ID NO:212); CACCTCAGGT (SEQ ID NO:213);
ACCTCAGGTA (SEQ ID NO:214); CCTCAGGTAC (SEQ ID NO:215);
CTCAGGTACC (SEQ ID NO:216); TCAGGTACCT (SEQ ID NO:217);
CAGGTACCTT (SEQ ID NO:218); AGGTACCTTT (SEQ ID NO:219);
GGTACCTTTA (SEQ ID NO:220); GTACCTTTAA (SEQ ID NO:221);
TACCTTTAAG (SEQ ID NO:222); ACCTTTAAGA (SEQ ID NO:223);
CCTTTAAGAC (SEQ ID NO:224); CTTTAAGACC (SEQ ID NO:225);
TTTAAGACCA (SEQ ID NO:226); TTAAGACCAA (SEQ ID NO:227);
TAAGACCAAT (SEQ ID NO:228); AAGACCAATG (SEQ ID NO:229);
AGACCAATGA (SEQ ID NO:230); GACCAATGAC (SEQ ID NO:231);
ACCAATGACT (SEQ ID NO:232); CCAATGACTT (SEQ ID NO:233);
CAATGACTTA (SEQ ID NO:234); AATGACTTAC (SEQ ID NO:235);
ATGACTTACA (SEQ ID NO:236); TGACTTACAA (SEQ ID NO:237);
GACTTACAAG (SEQ ID NO:238); ACTTACAAGG (SEQ ID NO:239);
CTTACAAGGC (SEQ ID NO:240); TTACAAGGCA (SEQ ID NO:241);
TACAAGGCAG (SEQ ID NO:242); ACAAGGCAGC (SEQ ID NO:243);
CAAGGCAGCT (SEQ ID NO:244); AAGGCAGCTG (SEQ ID NO:245);
AGGCAGCTGT (SEQ ID NO:246); GGCAGCTGTA (SEQ ID NO:247);
GCAGCTGTAG (SEQ ID NO:248); CAGCTGTAGA (SEQ ID NO:249);
AGCTGTAGAT (SEQ ID NO:250); GCTGTAGATC (SEQ ID NO:251);
CTGTAGATCT (SEQ ID NO:252); TGTAGATCTT (SEQ ID NO:253);
GTAGATCTTA (SEQ ID NO:254); TAGATCTTAG (SEQ ID NO:255);
AGATCTTAGC (SEQ ID NO:256); GATCTTAGCC (SEQ ID NO:257);
ATCTTAGCCA (SEQ ID NO:258); TCTTAGCCAC (SEQ ID NO:259);
CTTAGCCACT (SEQ ID NO:260); TTAGCCACTT (SEQ ID NO:261);
TAGCCACTTT (SEQ ID NO:262); AGCCACTTTT (SEQ ID NO:263);
GCCACTTTTT (SEQ ID NO:264); CCACTTTTTA (SEQ ID NO:265);
CACTTTTTAA (SEQ ID NO:266); ACTTTTTAAA (SEQ ID NO:267);
CTTTTTAAAA (SEQ ID NO:268); TTTTTAAAAG (SEQ ID NO:269);
TTTTTAAAGA (SEQ ID NO:270); TTTTAAAGAA (SEQ ID NO:271);
TTAAAGAAAA (SEQ ID NO:272); TAAAGAAAAA (SEQ ID NO:273);
AAAAGAAAAG (SEQ ID NO:274); AAAGAAAAGG (SEQ ID NO:275);
AAGAAAAGGG (SEQ ID NO:276); AGAAAAGGGG (SEQ ID NO:277);
GAAAAGGGGG (SEQ ID NO:278); AAAAGGGGGG (SEQ ID NO:279);
AAAGGGGGGA (SEQ ID NO:280); AAGGGGGGAC (SEQ ID NO:281);

00445759750

950606, p10per USA, 218

329
-218-

AGGGGGGACT (SEQ ID NO:282); GGGGGGACTG (SEQ ID NO:283);
GGGGGACTGG (SEQ ID NO:284); GGGGACTGGA (SEQ ID NO:285);
GGGACTGGAA (SEQ ID NO:286); GGACTGGAAG (SEQ ID NO:287);
GACTGGAAGG (SEQ ID NO:288); ACTGGAAGGG (SEQ ID NO:289);
CTGGAAGGGC (SEQ ID NO:290); TGGAAGGGCT (SEQ ID NO:291);
GGAAGGGCTA (SEQ ID NO:292); GAAGGGCTAA (SEQ ID NO:293);
AAGGGCTAAT (SEQ ID NO:294); AGGGCTAATT (SEQ ID NO:295);
GGGCTAATTC (SEQ ID NO:296); GGCTAATTCA (SEQ ID NO:297);
GCTAATTCAC (SEQ ID NO:298); CTAATTCACT (SEQ ID NO:299);
TAATTCACTC (SEQ ID NO:300); AATTCACTCC (SEQ ID NO:301);
ATTCACTCCC (SEQ ID NO:302); TTCACTCCCA (SEQ ID NO:303);
TCACTCCCAA (SEQ ID NO:304); CACTCCCAA (SEQ ID NO:305);
ACTCCCAAAG (SEQ ID NO:306); CTCCCAAAGA (SEQ ID NO:307);
TCCCAAAGAA (SEQ ID NO:308); CCCAAAGAAG (SEQ ID NO:309);
CCAAAGAAGA (SEQ ID NO:310); CAAAGAAGAC (SEQ ID NO:311);
AAAGAAGACA (SEQ ID NO:312); AAGAAGACAA (SEQ ID NO:313);
AGAAGACAAG (SEQ ID NO:314); GAAGACAAGA (SEQ ID NO:315);
AAGACAAGAT (SEQ ID NO:316); AGACAAGATA (SEQ ID NO:317);
GACAAGATAT (SEQ ID NO:318); ACAAGATATC (SEQ ID NO:319);
CAAGATATCC (SEQ ID NO:320); AAGATATCCT (SEQ ID NO:321);
AGATATCCTT (SEQ ID NO:322); GATATCCTTG (SEQ ID NO:323);
ATATCCTTGA (SEQ ID NO:324); TATCCTTGAT (SEQ ID NO:325);
ATCCTTGATC (SEQ ID NO:326); TCCTTGATCT (SEQ ID NO:327);
CCTTGATCTG (SEQ ID NO:328); CTTGATCTGT (SEQ ID NO:329);
TTGATCTGTG (SEQ ID NO:330); TGATCTGTGG (SEQ ID NO:331);
GATCTGTGGA (SEQ ID NO:332); ATCTGTGGAT (SEQ ID NO:333);
TCTGTGGATC (SEQ ID NO:334); CTGTGGATCT (SEQ ID NO:335);
TGTGGATCTA (SEQ ID NO:336); GTGGATCTAC (SEQ ID NO:337);
TGGATCTACC (SEQ ID NO:338); GGATCTACCA (SEQ ID NO:339);
GATCTACCAC (SEQ ID NO:340); ATCTACCACA (SEQ ID NO:341);
TCTACCACAC (SEQ ID NO:342); CTACCACACA (SEQ ID NO:343);
TACCACACAC (SEQ ID NO:344); ACCACACACA (SEQ ID NO:345);
CCACACACAA (SEQ ID NO:346); CACACACAAG (SEQ ID NO:347);
ACACACAAGG (SEQ ID NO:348); CACACAAGGC (SEQ ID NO:349);
ACACAAGGCT (SEQ ID NO:350); CACAAGGCTA (SEQ ID NO:351);
ACAAGGCTAC (SEQ ID NO:352); CAAGGCTACT (SEQ ID NO:353);
AAGGCTACTT (SEQ ID NO:354); AGGCTACTTC (SEQ ID NO:355);
GGCTACTTCC (SEQ ID NO:356); GCTACTTCCC (SEQ ID NO:357);

00146783-000398

950606.p:\oper\qjh.HIV

530
-219-

CTACTTCCCT (SEQ ID NO:358); TACTTCCCTG (SEQ ID NO:359);
ACTTCCCTGA (SEQ ID NO:360); CTTCCCTGAT (SEQ ID NO:361);
TTCCCTGATT (SEQ ID NO:362); TCCCTGATTG (SEQ ID NO:363);
CCCTGATTGG (SEQ ID NO:364); CCTGATTGGC (SEQ ID NO:365);
CTGATTGGCA (SEQ ID NO:366); TGATTGGCAG (SEQ ID NO:367);
GATTGGCAGA (SEQ ID NO:368); ATTGGCAGAA (SEQ ID NO:369);
TTGGCAGAAC (SEQ ID NO:370); TGGCAGAACT (SEQ ID NO:371);
GGCAGAACTA (SEQ ID NO:372); GCAGAACTAC (SEQ ID NO:373);
CAGAACTACA (SEQ ID NO:374); AGAACTACAC (SEQ ID NO:375);
GAACTACACA (SEQ ID NO:376); AACTACACAC (SEQ ID NO:377);
ACTACACACC (SEQ ID NO:378); CTACACACCA (SEQ ID NO:379);
TACACACCAG (SEQ ID NO:380); ACACACCAGG (SEQ ID NO:381);
CACACCAGGG (SEQ ID NO:382); ACACCAGGGC (SEQ ID NO:383);
CACCAGGGCC (SEQ ID NO:384); ACCAGGGCCA (SEQ ID NO:385);
CCAGGGCCAG (SEQ ID NO:386); CAGGGCCAGG (SEQ ID NO:387);
AGGGCCAGGG (SEQ ID NO:388); GGGCCAGGGG (SEQ ID NO:389);
GGCCAGGGGT (SEQ ID NO:390); GCCAGGGGTC (SEQ ID NO:391);
CCAGGGGTCA (SEQ ID NO:392); CAGGGGTCAG (SEQ ID NO:393);
AGGGGTCAGA (SEQ ID NO:394); GGGGTCAGAT (SEQ ID NO:395);
GGGTCAGATA (SEQ ID NO:396); GGTGATATAT (SEQ ID NO:397);
GTCAGATATC (SEQ ID NO:398); TCGATATATC (SEQ ID NO:399);
CAGATATCCA (SEQ ID NO:400); AGATATCCAC (SEQ ID NO:401);
GATATCCACT (SEQ ID NO:402); ATATCCACTG (SEQ ID NO:403);
TATCCACTGA (SEQ ID NO:404); ATCCACTGAC (SEQ ID NO:405);
TCCACTGACC (SEQ ID NO:406); CCACTGACCT (SEQ ID NO:407);
CACTGACCTT (SEQ ID NO:408); ACTGACCTTT (SEQ ID NO:409);
CTGACCTTTG (SEQ ID NO:410); TGACCTTTGG (SEQ ID NO:411);
GACCTTTGGA (SEQ ID NO:412); ACCCTTTGGAT (SEQ ID NO:413);
CCTTTGGATG (SEQ ID NO:414); CTTTGGATGG (SEQ ID NO:415);
TTTGGATGGT (SEQ ID NO:416); TTGGATGGTG (SEQ ID NO:417);
TGGATGGTGC (SEQ ID NO:418); GGATGGTGCT (SEQ ID NO:419);
GATGGTGCTA (SEQ ID NO:420); ATGGTGCTAC (SEQ ID NO:421);
TGGTGCTACA (SEQ ID NO:422); GGTGCTACAA (SEQ ID NO:423);
GTGCTACAAG (SEQ ID NO:424); TGCTACAAGC (SEQ ID NO:425);
GCTACAAGCT (SEQ ID NO:426); CTACAAGCTA (SEQ ID NO:427);
TACAAGCTAG (SEQ ID NO:428); ACAAGCTAGT (SEQ ID NO:429);
CAAGCTAGTA (SEQ ID NO:430); AAGCTAGTAC (SEQ ID NO:431);
AGCTAGTACC (SEQ ID NO:432); GCTAGTACCA (SEQ ID NO:433);

000000-000000

930606.p\oper\qjh_HIV1.1

331

-220-

CTAGTACCAG (SEQ ID NO:434); TAGTACCAGT (SEQ ID NO:435);
AGTACCAGTT (SEQ ID NO:436); GTACCAGTTG (SEQ ID NO:437);
TACCAGTTGA (SEQ ID NO:438); ACCAGTTGAG (SEQ ID NO:439);
CCAGTTGAGC (SEQ ID NO:440); CAGTTGAGCC (SEQ ID NO:441);
AGTTGAGCCA (SEQ ID NO:442); GTTGAGCCAG (SEQ ID NO:443);
TTGAGCCAGA (SEQ ID NO:444); TGAGCCAGAT (SEQ ID NO:445);
GAGCCAGATA (SEQ ID NO:446); AGCCAGATAA (SEQ ID NO:447);
GCCAGATAAG (SEQ ID NO:448); CCAGATAAGG (SEQ ID NO:449);
CAGATAAGGT (SEQ ID NO:450); AGATAAGGTA (SEQ ID NO:451);
GATAAGGTAG (SEQ ID NO:452); ATAAGGTAGA (SEQ ID NO:453);
TAAGGTAGAA (SEQ ID NO:454); AAGGTAGAAAG (SEQ ID NO:455);
AGGTAGAAGA (SEQ ID NO:456); GGTAGAAGAG (SEQ ID NO:457);
GTAGAAGAGG (SEQ ID NO:458); TAGAAGAGGC (SEQ ID NO:459);
AGAAGAGGCC (SEQ ID NO:460); GAAGAGGCCA (SEQ ID NO:461);
AAGAGGCCAA (SEQ ID NO:462); AGAGGCCAAT (SEQ ID NO:463);
GAGGCCAATA (SEQ ID NO:464); AGGCCAATAA (SEQ ID NO:465);
GGCCAATAAA (SEQ ID NO:466); GCCAATAAAG (SEQ ID NO:467);
CCAATAAAGG (SEQ ID NO:468); CAATAAAGGA (SEQ ID NO:469);
AATAAAGGAG (SEQ ID NO:470); ATAAAGGAGA (SEQ ID NO:471);
TAAAGGAGAG (SEQ ID NO:472); AAAGGAGAGA (SEQ ID NO:473);
AAGGAGAGAA (SEQ ID NO:474); AGGAGAGAAC (SEQ ID NO:475);
GGAGAGAACA (SEQ ID NO:476); GAGAGAACAC (SEQ ID NO:477);
AGAGAACACC (SEQ ID NO:478); GAGAACACCA (SEQ ID NO:479);
AGAACACCAG (SEQ ID NO:480); GAACACCAGC (SEQ ID NO:481);
AACACCAGCT (SEQ ID NO:482); ACACCAGCTT (SEQ ID NO:483);
CACCAGCTTG (SEQ ID NO:484); ACCAGCTTGT (SEQ ID NO:485);
CCAGCTTGTT (SEQ ID NO:486); CAGCTTGTTA (SEQ ID NO:487);
AGCTTGTTAC (SEQ ID NO:488); GCTTGTTACA (SEQ ID NO:489);
CTTGTTACAC (SEQ ID NO:490); TTGTTACAGC (SEQ ID NO:491);
TGTTACACCC (SEQ ID NO:492); GTTACACCCT (SEQ ID NO:493);
TTACACCCTG (SEQ ID NO:494); TACACCCTGT (SEQ ID NO:495);
ACACCCTGTG (SEQ ID NO:496); CACCCTGTGA (SEQ ID NO:497);
ACCCTGTGAG (SEQ ID NO:498); CCCTGTGAGC (SEQ ID NO:499);
CCTGTGAGCC (SEQ ID NO:500); CTGTGAGCCT (SEQ ID NO:501);
TGTGAGCCTG (SEQ ID NO:502); GTGAGCCTGC (SEQ ID NO:503);
TGAGCCTGCA (SEQ ID NO:504); GAGCCTGCAT (SEQ ID NO:505);
AGCCTGCATG (SEQ ID NO:506); GCCTGCATGG (SEQ ID NO:507);
CCTGCATGGA (SEQ ID NO:508); CTGCATGGAA (SEQ ID NO:509);

0014623-234760

950506_u'topar'eff_HI

332
- 221 -

| | |
|------------------------------|------------------------------|
| TGCATGGAAT (SEQ ID NO:510); | GCATGGAATG (SEQ ID NO:511); |
| CATGGAATGG (SEQ ID NO:512); | ATGGAATGGA (SEQ ID NO:513); |
| TGGAATGGAT (SEQ ID NO:514); | GGAATGGATG (SEQ ID NO:515); |
| GAATGGATGA (SEQ ID NO:516); | AATGGATGAC (SEQ ID NO:517); |
| ATGGATGACC (SEQ ID NO:518); | TGGATGACCC (SEQ ID NO:519); |
| GGATGACCCT (SEQ ID NO:520); | GATGACCCTG (SEQ ID NO:521); |
| ATGACCCTGA (SEQ ID NO:522); | TGACCCTGAG (SEQ ID NO:523); |
| GACCCTGAGA (SEQ ID NO:524); | ACCCTGAGAG (SEQ ID NO:525); |
| CCCTGAGAGA (SEQ ID NO:526); | CCTGAGAGAG (SEQ ID NO:527); |
| CTGAGAGAGA (SEQ ID NO:528); | TGAGAGAGAA (SEQ ID NO:529); |
| GAGAGAGAAG (SEQ ID NO:530); | AGAGAGAAGT (SEQ ID NO:531); |
| GAGAGAAGTG (SEQ ID NO:532); | AGAGAAGTGT (SEQ ID NO:533); |
| GAGAAGTGTT (SEQ ID NO:534); | AGAAGTGTTA (SEQ ID NO:535); |
| GAAGTGTTAG (SEQ ID NO:536); | AAGTGTTAGA (SEQ ID NO:537); |
| AGTGTTAGAG (SEQ ID NO:538); | GTGTTAGAGT (SEQ ID NO:539); |
| TGTTAGAGTG (SEQ ID NO:540); | GTTAGAGTGG (SEQ ID NO:541); |
| TTAGAGTGGA (SEQ ID NO:542); | TAGAGTGGAG (SEQ ID NO:543); |
| AGAGTGGAGG (SEQ ID NO:544); | GAGTGGAGGT (SEQ ID NO:545); |
| AGTGGAGGTT (SEQ ID NO:546); | GTOGAGGTTT (SEQ ID NO:547); |
| TGGAGGTTTG (SEQ ID NO:548); | GGAGGTTTGA (SEQ ID NO:549); |
| GAGGTTTGAC (SEQ ID NO:550); | AGGTTTGACA (SEQ ID NO:551); |
| GGTTTGACAG (SEQ ID NO:552); | GTTTGACAGC (SEQ ID NO:553); |
| TTTGACAGCC (SEQ ID NO:554); | TTGACAGCCG (SEQ ID NO:555); |
| TGACAGCCGC (SEQ ID NO:556); | GACAGCCGCC (SEQ ID NO:557); |
| ACAGCCGCCT (SEQ ID NO:558); | CAGCCGCCTA (SEQ ID NO:559); |
| AGCCGCCTAG (SEQ ID NO:560); | GCCGCCTAGC (SEQ ID NO:561); |
| CCGCCTAGCA (SEQ ID NO:562); | CGCCTAGCAT (SEQ ID NO:563); |
| GCCTAGCATT (SEQ ID NO:564); | CCTAGCATTT (SEQ ID NO:565); |
| CTAGCATTTT (SEQ ID NO:566); | TAGCATTTCA (SEQ ID NO:567); |
| AGCATTTTCAT (SEQ ID NO:568); | GCATTTTCATC (SEQ ID NO:569); |
| CATTTTCATCA (SEQ ID NO:570); | ATTTTCATCAC (SEQ ID NO:571); |
| TTTCATCACG (SEQ ID NO:572); | TTCATCACGT (SEQ ID NO:573); |
| TCATCACGTG (SEQ ID NO:574); | CATCACGTGG (SEQ ID NO:575); |
| ATCACGTGGC (SEQ ID NO:576); | TCACGTGGCC (SEQ ID NO:577); |
| CACGTGGCCC (SEQ ID NO:578); | ACGTGGCCCC (SEQ ID NO:579); |
| CGTGGCCCCG (SEQ ID NO:580); | GTGGCCCCGAG (SEQ ID NO:581); |
| TGGCCCCGAGA (SEQ ID NO:582); | GGCCCCGAGAG (SEQ ID NO:583); |
| GCCCCGAGAGC (SEQ ID NO:584); | CCCCGAGAGCT (SEQ ID NO:585); |

930606, n^aper^ch, HT 922

333
- 222 -

| | |
|------------------------------|-----------------------------|
| CCGAGAGCTG (SEQ ID NO:586); | CGAGAGCTGC (SEQ ID NO:587); |
| GAGAGCTGCA (SEQ ID NO:588); | AGAGCTGCAT (SEQ ID NO:589); |
| GAGCTGCATC (SEQ ID NO:590); | AGCTGCATCC (SEQ ID NO:591); |
| GCTGCATCCG (SEQ ID NO:592); | CTGCATCCGG (SEQ ID NO:593); |
| TGCATCCGGA (SEQ ID NO:594); | GCATCCGGAG (SEQ ID NO:595); |
| CATCCGGAGT (SEQ ID NO:596); | ATCCGGAGTA (SEQ ID NO:597); |
| TCCGGAGTAC (SEQ ID NO:598); | CCGGAGTACT (SEQ ID NO:599); |
| CGGAGTACTT (SEQ ID NO:600); | GGAGTACTTC (SEQ ID NO:601); |
| GAGTACTTCA (SEQ ID NO:602); | AGTACTTCAA (SEQ ID NO:603); |
| GTA CTTCAAG (SEQ ID NO:604); | TACTTCAAGA (SEQ ID NO:605); |
| ACTTCAAGAA (SEQ ID NO:606); | CTTCAAGAAC (SEQ ID NO:607); |
| TTCAAGAACT (SEQ ID NO:608); | TCAAGAACTG (SEQ ID NO:609); |
| CAAGAACTGC (SEQ ID NO:610); | AAGAACTGCT (SEQ ID NO:611); |
| AGAACTGCTG (SEQ ID NO:612); | GAACTGCTGA (SEQ ID NO:613); |

15. A strain of HIV-1 according to claim 14 wherein said deletion encompasses at least one of the following decanucleotide deletions from the *nef* gene:

| | | | |
|------------|------------------|------------|------------------|
| ACCAGCTTGT | [SEQ ID NO: 803] | CCAGCTTGTT | [SEQ ID NO: 804] |
| CAGCTTGTTA | [SEQ ID NO: 805] | AGCTTGTTAC | [SEQ ID NO: 806] |
| GCTTGTTACA | [SEQ ID NO: 807] | CTTGTTACAC | [SEQ ID NO: 808] |
| TTGTTACACC | [SEQ ID NO: 809] | TGTTACACCC | [SEQ ID NO: 810] |
| GTTACACCCT | [SEQ ID NO: 811] | TTACACCCTG | [SEQ ID NO: 812] |
| TACACCCTGT | [SEQ ID NO: 813] | ACACCCTGTG | [SEQ ID NO: 814] |
| CACCCTGTGA | [SEQ ID NO: 815] | ACCCTGTGAG | [SEQ ID NO: 816] |
| CCCTGTGAGC | [SEQ ID NO: 817] | CCTGTGAGCC | [SEQ ID NO: 818] |
| CTGTGAGCCT | [SEQ ID NO: 819] | TGTGAGCCTG | [SEQ ID NO: 820] |
| GTGAGCCTGC | [SEQ ID NO: 821] | TGAGCCTGCA | [SEQ ID NO: 822] |
| GAGCCTGCAT | [SEQ ID NO: 823] | AGCCTGCATG | [SEQ ID NO: 824] |
| GCCTGCATGG | [SEQ ID NO: 825] | CCTGCATGGA | [SEQ ID NO: 826] |
| CTGCATGGAA | [SEQ ID NO: 827] | TGCATGGAAT | [SEQ ID NO: 828] |
| GCATGGAATG | [SEQ ID NO: 829] | CATGGAATGG | [SEQ ID NO: 830] |
| ATGGAATGGA | [SEQ ID NO: 831] | TGGAATGGAT | [SEQ ID NO: 832] |
| GGAATGGATG | [SEQ ID NO: 833] | GAATGGATGA | [SEQ ID NO: 834] |
| AATGGATGAC | [SEQ ID NO: 835] | ATGGATGACC | [SEQ ID NO: 836] |
| TGGATGACCC | [SEQ ID NO: 837] | GGATGACCCT | [SEQ ID NO: 838] |
| GATGACCCTG | [SEQ ID NO: 839] | ATGACCCTGA | [SEQ ID NO: 840] |
| TGACCCTGAG | [SEQ ID NO: 841] | | |

$$\begin{array}{r} 334 \\ - 225 \\ \hline \end{array}$$

THE UNIVERSITY OF CHICAGO

| | | | |
|------------|------------------|-------------|------------------|
| GCTTTTGGCC | (SEQ ID NO:652); | CTTTTGGCCT | (SEQ ID NO:653); |
| TTTTTGCCTG | (SEQ ID NO:654); | TTTTCCTGT | (SEQ ID NO:655); |
| TTTGCCTGTA | (SEQ ID NO:656); | TTCCTGTAC | (SEQ ID NO:657); |
| TGCCTGTACT | (SEQ ID NO:658); | GCCTGTACTG | (SEQ ID NO:659); |
| CCTGTACTGG | (SEQ ID NO:660); | CTGTACTGGG | (SEQ ID NO:661); |
| TGTACTGGGT | (SEQ ID NO:662); | GTA CTGGGTC | (SEQ ID NO:663); |
| TACTGGGTCT | (SEQ ID NO:664); | ACTGGGTCTC | (SEQ ID NO:665); |
| CTGGGTCTCT | (SEQ ID NO:666); | TGGGTCTCTC | (SEQ ID NO:667); |
| GGGTCTCTCT | (SEQ ID NO:668); | GGTCTCTCTG | (SEQ ID NO:669); |
| GTCTCTCTGG | (SEQ ID NO:670); | TCTCTCTGGT | (SEQ ID NO:671); |
| CTCTCTGGTT | (SEQ ID NO:672); | TCTCTGGTTA | (SEQ ID NO:673); |
| CTCTGGTTAG | (SEQ ID NO:674); | TCTCTGGTTA | (SEQ ID NO:675); |
| CTGGTTAGAC | (SEQ ID NO:676); | TGGTTAGACC | (SEQ ID NO:677); |
| GGTTAGACCA | (SEQ ID NO:678); | GTTAGACCAG | (SEQ ID NO:679); |
| TTAGACCAGA | (SEQ ID NO:680); | TAGACCAGAT | (SEQ ID NO:681); |
| AGACCAGATC | (SEQ ID NO:682); | GACCAGATCT | (SEQ ID NO:683); |
| ACCAGATCTG | (SEQ ID NO:684); | CCAGATCTGA | (SEQ ID NO:685); |
| CAGATCTGAG | (SEQ ID NO:686); | AGATCTGAGC | (SEQ ID NO:687); |
| GATCTGAGCC | (SEQ ID NO:688); | ATCTGAGCCT | (SEQ ID NO:689); |
| TCTGAGCCTG | (SEQ ID NO:690); | CTGAGCCTGG | (SEQ ID NO:691); |
| TGAGCCTGGG | (SEQ ID NO:692); | GAGCCTGGGA | (SEQ ID NO:693); |
| AGCCTGGGAG | (SEQ ID NO:694); | GCCTGGGAGC | (SEQ ID NO:695); |
| CCTGGGAGCT | (SEQ ID NO:696); | CTGGGAGCTC | (SEQ ID NO:697); |
| TGGGAGCTCT | (SEQ ID NO:698); | GGGAGCTCTC | (SEQ ID NO:699); |
| GGAGCTCTCT | (SEQ ID NO:700); | GAGCTCTCTG | (SEQ ID NO:701); |
| AGCTCTCTGG | (SEQ ID NO:702); | GCTCTCTGGC | (SEQ ID NO:703); |
| CTCTCTGGCT | (SEQ ID NO:704); | TCTCTGGCTA | (SEQ ID NO:705); |
| CTCTGGCTAA | (SEQ ID NO:706); | TCTGGCTAAC | (SEQ ID NO:707); |
| CTGGCTAACT | (SEQ ID NO:708); | TGGCTAACTA | (SEQ ID NO:709); |
| GGCTAACTAG | (SEQ ID NO:710); | GCTAACTAGG | (SEQ ID NO:711); |
| CTAACTAGGG | (SEQ ID NO:712); | TAACTAGGGA | (SEQ ID NO:713); |
| AACTAGGGAA | (SEQ ID NO:714); | ACTAGGGAAC | (SEQ ID NO:715); |
| CTAGGGAACC | (SEQ ID NO:716); | TAGGGAACCC | (SEQ ID NO:717); |
| AGGGAACCCA | (SEQ ID NO:718); | GGGAACCCAC | (SEQ ID NO:719); |
| GGAACCCACT | (SEQ ID NO:720); | GAACCCACTG | (SEQ ID NO:721); |

950606, p. 10 per [redacted] 24

335
- 224 -

| | | | |
|--------------|------------------|--------------|------------------|
| AACCCACTGCTC | (SEQ ID NO:722); | ACCCACTGCTCT | (SEQ ID NO:723); |
| CCCACTGCTTT | (SEQ ID NO:724); | CCACTGCTTA | (SEQ ID NO:725); |
| CACTGCTTAA | (SEQ ID NO:726); | ACTGCTTAAG | (SEQ ID NO:727); |
| CTGCTTAAGC | (SEQ ID NO:728); | TGCTTAAGCC | (SEQ ID NO:729); |
| GCTTAAGCCT | (SEQ ID NO:730); | CTTAAGCCTC | (SEQ ID NO:731); |
| TTAAGCCTCA | (SEQ ID NO:732); | TAAGCCTCAA | (SEQ ID NO:733); |
| AAGCCTCAAT | (SEQ ID NO:734); | AGCCTCAATA | (SEQ ID NO:735); |
| GCCTCAATAA | (SEQ ID NO:736); | CCTCAATAAA | (SEQ ID NO:737); |
| CTCAATAAAG | (SEQ ID NO:738); | TCAATAAAGC | (SEQ ID NO:739); |
| CAATAAAGCT | (SEQ ID NO:740); | AATAAAGCTT | (SEQ ID NO:741); |
| ATAAAGCTTG | (SEQ ID NO:742); | TAAAGCTTGC | (SEQ ID NO:743); |
| AAAGCTTGCC | (SEQ ID NO:744); | AAGCTTGCCCT | (SEQ ID NO:745); |
| AGCTTGCCCT | (SEQ ID NO:746); | GCTTGCCCTG | (SEQ ID NO:747); |
| CTTGCCCTGA | (SEQ ID NO:748); | TTGCCCTGAG | (SEQ ID NO:749); |
| TGCCCTTGAGT | (SEQ ID NO:750); | GCCTTGAGTG | (SEQ ID NO:751); |
| CCTTGAGTGCT | (SEQ ID NO:752); | CTTGAGTGCT | (SEQ ID NO:753); |
| TTGAGTGCTT | (SEQ ID NO:754); | TGAGTGCTTC | (SEQ ID NO:755); |
| GAGTGCTTCA | (SEQ ID NO:756); | AGTGCTTCAA | (SEQ ID NO:757); |
| GTGCTTCAAG | (SEQ ID NO:758); | TGCTTCAAGT | (SEQ ID NO:759); |
| GCTTCAAGTA | (SEQ ID NO:760); | CTTCAAGTAG | (SEQ ID NO:761); |
| TTCAAGTAGT | (SEQ ID NO:762); | TCAAGTAGTG | (SEQ ID NO:763); |
| CAAGTAGTGT | (SEQ ID NO:764); | AAGTAGTGTG | (SEQ ID NO:765); |
| AGTAGTGTGT | (SEQ ID NO:766); | GTAGTGTGTG | (SEQ ID NO:767); |
| TAGTGTGTGC | (SEQ ID NO:768); | AGTGTGTGCC | (SEQ ID NO:769); |
| GTGTGTGCCC | (SEQ ID NO:770); | TGTGTGCCCCG | (SEQ ID NO:771); |
| GTGTGCCCCGT | (SEQ ID NO:772); | TGTGCCCCGTC | (SEQ ID NO:773); |
| GTGCCCCGTCT | (SEQ ID NO:774); | TGCCCCGTCTG | (SEQ ID NO:775); |
| GCCCCGTCTGT | (SEQ ID NO:776); | CGCGTCTGTT | (SEQ ID NO:777); |
| CCGTCTGTTG | (SEQ ID NO:778); | CGTCTGTTGT | (SEQ ID NO:779); |
| GTCTGTTGTG | (SEQ ID NO:780); | TCTGTTGTGT | (SEQ ID NO:781); |
| CTGTTGTGTG | (SEQ ID NO:782); | TGTTGTGTGA | (SEQ ID NO:783); |
| GTTGTGTGAC | (SEQ ID NO:784); | TTGTGTGACT | (SEQ ID NO:785); |
| TGTGTGACTC | (SEQ ID NO:786); | GTGTGACTCT | (SEQ ID NO:787); |
| TGTGTGACTC | (SEQ ID NO:788); | GTGTGACTCT | (SEQ ID NO:789); |
| TGTGACTCTG | (SEQ ID NO:790); | GTGACTCTGG | (SEQ ID NO:791); |
| TGACTCTGGT | (SEQ ID NO:792); | GACTCTGGTA | (SEQ ID NO:793); |
| ACTCTGGTAA | (SEQ ID NO:794); | CTCTGGTAAC | (SEQ ID NO:795); |
| TCTGGTAACT | (SEQ ID NO:796); | CTGGTAACTA | (SEQ ID NO:797); |

950606.p\opar\ejh.HIV1 25

336
-225-

TGGTAACTAG (SEQ ID NO:798); GGTAAC TAGA (SEQ ID NO:799).

17. An isolated strain of HIV-1 or a biological source thereof, said HIV-1 having the following characteristics:

- (i) is substantially non-pathogenic in human subjects; and
- (ii) carries a modified *nef* gene which encodes a *nef* gene product substantially immunologically non-interactive with antibodies to amino acids 162 to 177 of Nef in wild-type HIV-1.

18. An isolated strain of HIV-1 according to claim 17 wherein said *nef* gene product is interactive with antibodies to wild-type HIV-1 Nef but is substantially non-interactive with antibodies to amino acids 162 to 177 of wild-type HIV-1 Nef protein.

19. An isolated strain of HIV-1 according to claim 17 comprising a mutation in its genome such that amino acids 162 to 177 of wild-type HIV-1 Nef are substantially not represented in a Nef protein or derivative thereof produced by said isolated HIV-1 strain, or are represented in an amount insufficient to induce an immune response to that region of Nef.

20. An isolated strain of HIV-1 according to claim 17 wherein said strain of HIV-1 carries a mutation in one or more of nucleotides 9271 to 9317 of HIV-1_{NL43} or in a functionally equivalent region in another pathogenic strain of HIV-1.

21. An isolated non-pathogenic strain of HIV-1 comprising a genome which is substantially incapable of hybridizing under medium stringent conditions to a nucleic acid molecule comprising a sequence of nucleotides which encodes all or part of amino acids 162 to 177 of wild-type HIV-1 Nef.

22. A non-pathogenic HIV-1 isolate which:

- (i) induces an immune response in a human or primate subject;
- (ii) does not substantially produce a proliferative response or cytokine production to a mitogen, alloantigen and/or recall antigen relative to a healthy, non-infected subject; and

0044578-09098

950606, gp120, HIV-1

337
-226-

- (iii) is substantially incapable of inducing an antibody response to amino acids 162 to 177 of wild-type HIV-1 Nef protein.

23. A viral isolate which:

- (i) is interactive to antibodies to a glycoprotein from HIV-1 selected from gp41-45, gp120 and gp160;
- (ii) is substantially non-pathogenic in human subjects; and
- (iii) carries a deletion mutation of at least ten nucleotides in a region corresponding to all or part of amino acids 162 to 177 encoded by the *nef* gene of a pathogenic strain of HIV-1.

24. A viral isolate which:

- (i) is reactive to antibodies to a glycoprotein from HIV-1 selected from gp41-45, gp120 and gp160;
- (ii) carries a deletion of at least ten nucleotides in a region corresponding to the *nef* gene in HIV-1_{NL43}; and

wherein said deletion encompasses one or more of the following decanucleotides from the *nef* gene of HIV-1_{NL43} or corresponding sequences from another pathogenic strain of HIV-1:

| | |
|---------------------------|---------------------------|
| ACCAGCTTGT [SEQ ID NO:4] | CCAGCTTGTT [SEQ ID NO:5] |
| CAGCTTGTTA [SEQ ID NO:6] | AGCTTGTTAC [SEQ ID NO:7] |
| GCTTGTTACA [SEQ ID NO:8] | CTTGTTACAC [SEQ ID NO:9] |
| TTGTTACACC [SEQ ID NO:10] | TGTTACACCC [SEQ ID NO:11] |
| GTTACACCCT [SEQ ID NO:12] | TTACACCCTG [SEQ ID NO:13] |
| TACACCCTGT [SEQ ID NO:14] | ACACCCTGTG [SEQ ID NO:15] |
| CACCCTGTGA [SEQ ID NO:16] | ACCCTGTGAG [SEQ ID NO:17] |
| CCCTGTGAGC [SEQ ID NO:18] | CCTGTGAGCC [SEQ ID NO:19] |
| CTGTGAGCCT [SEQ ID NO:20] | TGTGAGCCTG [SEQ ID NO:21] |
| GTGAGCCTGC [SEQ ID NO:22] | TGAGCCTGCA [SEQ ID NO:23] |
| GAGCCTGCAT [SEQ ID NO:24] | AGCCTGCATG [SEQ ID NO:25] |
| GCCTGCATGG [SEQ ID NO:26] | CCTGCATGGA [SEQ ID NO:27] |
| CTGCATGGAA [SEQ ID NO:28] | TGCATGGAAT [SEQ ID NO:29] |
| GCATGGAATG [SEQ ID NO:30] | CATGGAATGG [SEQ ID NO:31] |
| ATGGAATGGA [SEQ ID NO:32] | TGGAATGGAT [SEQ ID NO:33] |
| GGAATGGATG [SEQ ID NO:34] | GAATGGATGA [SEQ ID NO:35] |

00146783-090369

950606.gioperajh.HI :227

338

-227-

AATGGATGAC [SEQ ID NO:36]
TGGATGACCC [SEQ ID NO:38]
GATGACCCTG [SEQ ID NO:40]
TGACCCTGAG [SEQ ID NO:42]

ATGGATGACC [SEQ ID NO:37]
GGATGACCCT [SEQ ID NO:39]
ATGACCCTGA [SEQ ID NO:41]

25. An isolated strain of HIV-1 having the identifying characteristics of HIV-1 isolate ECACC Accession No. V94101706 or HIV-1 isolate ECACC Accession N. V941031169 or ECACC Accession N. V95031022.
26. An isolated strain of HIV-1 which is reactive to antibodies to a glycoprotein of HIV-1, is capable of inducing an immune response to at least one of *gag*, *pol* and/or *env* and which is incapable of directing synthesis of a *nef* gene product or a full length *nef* gene product.
27. An isolated strain of HIV-1 according to claim 26 wherein the glycoprotein is at least one of gp41-45, gp120 and/or gp160.
28. A nucleic acid molecule or a part, fragment or derivative thereof from an HIV-1 isolate defined in any one of claims 1 to 26.
29. A molecular infectious clone comprising a nucleic acid molecule according to claim 28.
30. A method for inhibiting or reducing productive infection of an individual by a pathogenic strain of HIV-1, said method comprising administering to a subject a non-pathogenic isolate of HIV-1 in an amount effective to infect target cells and to generate target cells carrying DNA derived from said non-pathogenic HIV-1.
31. A method according to claim 30 wherein said isolate is capable of stimulating an immune response in a human or primate against at least one glycoprotein on HIV-1 whilst not substantially reducing proliferative responses and cytokine production to a mitogen in said human or primate compared to a healthy, non-infected human or primate subject.

09146783-090398

950605, p10per/gh, HIV-1.0

239
-228-

32. A method according to claim 31 wherein said isolate carries one or more mutations in its genome resulting in the inability to direct synthesis of at least one polypeptide or protein from a pathogenic strain of HIV-1.

33. A method according to claim 31 wherein said isolate carries one or more mutations in its genome resulting in said genome directing synthesis of a truncated form of a polypeptide or protein from a pathogenic strain of HIV-1.

34. A method according to claim 32 or 33 wherein said HIV-1 isolate carries a mutation in its *nef* gene and/or long terminal repeat (LTR) region or in a functionally equivalent location in the HIV-1 genome.

35. A method according to claim 34 wherein said HIV-1 isolate is interactive to antibodies to gp41-45, gp120 and/or gp160 of HIV-1 and carries a deletion of at least ten contiguous nucleotides in a region corresponding to the *nef* gene and/or LTR region of pathogenic HIV-1.

36. A method according to claim 35 wherein said HIV-1 isolate encodes a modified Nef protein without amino acids 162 to 177 of wild-type HIV-1_{NLAS} Nef.

37. A method according to claim 35 or 34 wherein said HIV-1 isolate is capable of inducing an immune response to at least one of *gag*, *pol* and/or *env*.

38. A method according to claim 37 wherein said HIV-1 isolate carries a deletion in its genome of at least 10 nucleotides within the region from nucleotide 8787 to nucleotide 9709 using the nucleotide numbering of HIV-1_{NLAS}.

39. A method according to claim 38 wherein said isolate carries a deletion in its genome of at least 10 nucleotides within a region selected from the list consisting of:

| | | |
|------------|-------|----------------|
| nucleotide | (i) | 8830-8862; |
| | (ii) | 9009-9035; |
| | (iii) | 9019-9029; and |

00146733-000300

950605, gctopcr/hj, HIV1.

340
- 229 -

(iv) 9033-9049.

40. A method according to claim 38 wherein said isolate carries a deletion in its genome of at least 10 nucleotides within a region selected from the list consisting of:

| | | |
|------------|--------|----------------|
| nucleotide | (v) | 9281-9371; |
| | (vi) | 9281-9362; |
| | (vii) | 9105-9224; and |
| | (viii) | 9271-9370. |

41. A method according to claim 38 wherein said isolate carries a deletion in its genome of at least 10 nucleotides within a region selected from the list consisting of:

| | | |
|------------|-------|----------------|
| nucleotide | (ix) | 8882-8928; |
| | (x) | 8850-9006; |
| | (xi) | 8792-9041; and |
| | (xii) | 9112-9204. |

42. A method according to claim 38 wherein said isolate carries a deletion in its genome of at least 10 nucleotides within a region selected from the list consisting of:

| | | |
|------------|--------|----------------|
| nucleotide | (xiii) | 9105-9224; |
| | (xiv) | 9389-9395; and |
| | (xv) | 9281-9366. |

43. A method according to claim 38 wherein said deletion encompasses at least one of the following decanucleotides from the nef gene of HIV-1_{NL43}:

| | |
|----------------------------|----------------------------|
| ATGGGTGGCA (SEQ ID NO:2); | TGGGTGGCAA (SEQ ID NO:3); |
| GGGTGGCAAG (SEQ ID NO:4); | GGTGGCAAGT (SEQ ID NO:5); |
| GTGGCAAGTG (SEQ ID NO:6); | TGGCAAGTGG (SEQ ID NO:7); |
| GGCAAGTGGT (SEQ ID NO:8); | GCAAGTGGTC (SEQ ID NO:9); |
| CAAGTGGTCA (SEQ ID NO:10); | AAGTGGTCAA (SEQ ID NO:11); |
| AGTGGTCAAA (SEQ ID NO:12); | GTGGTCAAAA (SEQ ID NO:13); |
| TGGTCAAAAA (SEQ ID NO:14); | GGTCAAAAAG (SEQ ID NO:15); |
| GTCAAAAAGT (SEQ ID NO:16); | TCAAAAAGTA (SEQ ID NO:17); |
| CAAAAAGTAG (SEQ ID NO:18); | AAAAAGTAGT (SEQ ID NO:19); |
| AAAAGTAGTG (SEQ ID NO:20); | AAAGTAGTGT (SEQ ID NO:21); |

09146783-000398

230

| | |
|----------------------------|----------------------------|
| AAGTAGTGTG (SEQ ID NO:22); | AGTAGTGTGA (SEQ ID NO:23); |
| GTAGTGTGAT (SEQ ID NO:24); | TAGTGTGATT (SEQ ID NO:25); |
| AGTGTGATTG (SEQ ID NO:26); | GTGTGATTGG (SEQ ID NO:27); |
| TGTGATTGGA (SEQ ID NO:28); | GTGATTGGAT (SEQ ID NO:29); |
| TGATTGGATG (SEQ ID NO:30); | GATTGGATGG (SEQ ID NO:31); |
| ATTGGATGGC (SEQ ID NO:32); | TTGGATGGCC (SEQ ID NO:33); |
| TGGATGGCCT (SEQ ID NO:34); | GGATGGCCTG (SEQ ID NO:35); |
| GATGGCCTGC (SEQ ID NO:36); | ATGGCCTGCT (SEQ ID NO:37); |
| TGGCCTGCTG (SEQ ID NO:38); | GGCCTGCTGT (SEQ ID NO:39); |
| GCCTGCTGTA (SEQ ID NO:40); | CCTGCTGTAA (SEQ ID NO:41); |
| CTGCTGTAAG (SEQ ID NO:42); | TGCTGTAAGG (SEQ ID NO:43); |
| GCTGTAAGGG (SEQ ID NO:44); | CTGTAAGGGA (SEQ ID NO:45); |
| TGTAAGGGAA (SEQ ID NO:46); | GTAAGGGAAA (SEQ ID NO:47); |
| TAAGGGAAAG (SEQ ID NO:48); | AAGGGAAAGA (SEQ ID NO:49); |
| AGGGAAAGAA (SEQ ID NO:50); | GGGAAAGAAT (SEQ ID NO:51); |
| GGAAAGAATG (SEQ ID NO:52); | GAAAGAATGA (SEQ ID NO:53); |
| AAAGAATGAG (SEQ ID NO:54); | AAGAATGAGA (SEQ ID NO:55); |
| AGAATGAGAC (SEQ ID NO:56); | GAATGAGACG (SEQ ID NO:57); |
| AATGAGACGA (SEQ ID NO:58); | ATGAGACGAG (SEQ ID NO:59); |
| TGAGACGAGC (SEQ ID NO:60); | GAGACGAGCT (SEQ ID NO:61); |
| AGACGAGCTG (SEQ ID NO:62); | GAGGAGCTGA (SEQ ID NO:63); |
| ACGAGCTGAG (SEQ ID NO:64); | CGAGCTGAGC (SEQ ID NO:65); |
| GAGCTGAGCC (SEQ ID NO:66); | AGCTGAGCCA (SEQ ID NO:67); |
| GCTGAGCCAG (SEQ ID NO:68); | CTGAGCCAGC (SEQ ID NO:69); |
| TGAGCCAGCA (SEQ ID NO:70); | GAGCCAGCAG (SEQ ID NO:71); |
| AGCCAGCAGC (SEQ ID NO:72); | GCCAGCAGCA (SEQ ID NO:73); |
| CCAGCAGCAG (SEQ ID NO:74); | CAGCAGCAGA (SEQ ID NO:75); |
| AGCAGCAGAT (SEQ ID NO:76); | GCAGCAGATG (SEQ ID NO:77); |
| CAGCAGATGG (SEQ ID NO:78); | AGCAGATGGG (SEQ ID NO:79); |
| GCAGATGGGG (SEQ ID NO:80); | CAGATGGGGT (SEQ ID NO:81); |
| AGATGGGGTG (SEQ ID NO:82); | GATGGGGTGG (SEQ ID NO:83); |
| ATGGGGTGGG (SEQ ID NO:84); | TGGGGTGGGA (SEQ ID NO:85); |
| GGGGTGGGAG (SEQ ID NO:86); | GGGTGGGAGC (SEQ ID NO:87); |
| GGTGGGAGCA (SEQ ID NO:88); | GTGGGAGCAG (SEQ ID NO:89); |
| TGGGAGCAGT (SEQ ID NO:90); | GGGAGCAGTA (SEQ ID NO:91); |
| GGAGCAGTAT (SEQ ID NO:92); | GAGCAGTATC (SEQ ID NO:93); |
| AGCAGTATCT (SEQ ID NO:94); | GCAGTATCTC (SEQ ID NO:95); |
| CAGTATCTCG (SEQ ID NO:96); | AGTATCTCGA (SEQ ID NO:97); |

950606, prapocicil, HIV 1.0, 31

342
- 235 -

| | |
|-----------------------------|-----------------------------|
| GTATCTCGAG (SEQ ID NO:98); | TATCTCGAGA (SEQ ID NO:99); |
| ATCTCGAGAC (SEQ ID NO:100); | TCTCGAGACC (SEQ ID NO:101); |
| CTCGAGACCT (SEQ ID NO:102); | TCGAGACCTA (SEQ ID NO:103); |
| CGAGACCTAG (SEQ ID NO:104); | GAGACCTAGA (SEQ ID NO:105); |
| AGACCTAGAA (SEQ ID NO:106); | GACCTAGAAA (SEQ ID NO:107); |
| ACCTAGAAAA (SEQ ID NO:108); | CCTAGAAAAA (SEQ ID NO:109); |
| CTAGAAAAAC (SEQ ID NO:110); | TAGAAAAACA (SEQ ID NO:111); |
| AGAAAAACAT (SEQ ID NO:112); | GAAAAACATG (SEQ ID NO:113); |
| AAAAACATGG (SEQ ID NO:114); | AAAACATGGA (SEQ ID NO:115); |
| AAACATGGAG (SEQ ID NO:116); | AACATGGAGC (SEQ ID NO:117); |
| ACATGGAGCA (SEQ ID NO:118); | CATGGAGCAA (SEQ ID NO:119); |
| ATGGAGCAAT (SEQ ID NO:120); | TGGAGCAATC (SEQ ID NO:121); |
| GGAGCAATCA (SEQ ID NO:122); | GAGCAATCAC (SEQ ID NO:123); |
| AGCAATCACA (SEQ ID NO:124); | GCAATCACAA (SEQ ID NO:125); |
| CAATCACAAG (SEQ ID NO:126); | AATCACAAGT (SEQ ID NO:127); |
| ATCACAAGTA (SEQ ID NO:128); | TCACAAGTAG (SEQ ID NO:129); |
| CACAAGTAGC (SEQ ID NO:130); | ACAAGTAGCA (SEQ ID NO:131); |
| CAAGTAGCAA (SEQ ID NO:132); | AAGTAGCAAT (SEQ ID NO:133); |
| AGTAGCAATA (SEQ ID NO:134); | GTAGCAATAC (SEQ ID NO:135); |
| TAGCAATACA (SEQ ID NO:136); | AGCAATACAG (SEQ ID NO:137); |
| GCAATACAGC (SEQ ID NO:138); | CAATACAGCA (SEQ ID NO:139); |
| AATACAGCAG (SEQ ID NO:140); | ATACAGCAGC (SEQ ID NO:141); |
| TACAGCAGCT (SEQ ID NO:142); | ACAGCAGCTA (SEQ ID NO:143); |
| CAGCAGCTAA (SEQ ID NO:144); | AGCAGCTAAC (SEQ ID NO:145); |
| GCAGCTAACA (SEQ ID NO:146); | CAGCTAACAA (SEQ ID NO:147); |
| AGCTAACAAT (SEQ ID NO:148); | GCTAACAATG (SEQ ID NO:149); |
| CTAACAATGC (SEQ ID NO:150); | TAACAATGCT (SEQ ID NO:151); |
| AACAATGCTG (SEQ ID NO:152); | ACAATGCTGC (SEQ ID NO:153); |
| CAATGCTGCT (SEQ ID NO:154); | AATGCTGCTT (SEQ ID NO:155); |
| ATGCTGCTTG (SEQ ID NO:156); | TGCTGCTTGT (SEQ ID NO:157); |
| GCTGCTTGTG (SEQ ID NO:158); | CTGCTTGTGC (SEQ ID NO:159); |
| TGCTTGTGCC (SEQ ID NO:160); | GCTTGTGCCT (SEQ ID NO:161); |
| CTTGTGCCTG (SEQ ID NO:162); | TTGTGCCTGG (SEQ ID NO:163); |
| TGTGCCTGGC (SEQ ID NO:164); | GTGCCTGGCT (SEQ ID NO:165); |
| TGCCTGGCTA (SEQ ID NO:166); | GCCTGGCTAG (SEQ ID NO:167); |
| CCTGGCTAGA (SEQ ID NO:168); | CTGGCTAGAA (SEQ ID NO:169); |
| TGGCTAGAAG (SEQ ID NO:170); | GGCTAGAAGC (SEQ ID NO:171); |
| GCTAGAAGCA (SEQ ID NO:172); | CTAGAAGCAC (SEQ ID NO:173); |

950606.prtoperclb.HIV 232

243
-232-

09146783-000300
TAGAAGCACA (SEQ ID NO:174); AGAAGCACAA (SEQ ID NO:175);
GAAGCACAAAG (SEQ ID NO:176); AAGCACAAAGA (SEQ ID NO:177);
AGCACAAAGAG (SEQ ID NO:178); GCACAAGAGG (SEQ ID NO:179);
CACAAAGAGGA (SEQ ID NO:180); ACAAGAGGAG (SEQ ID NO:181);
CAAGAGGAGG (SEQ ID NO:182); AAGAGGAGGA (SEQ ID NO:183);
AGAGGAGGAA (SEQ ID NO:184); GAGGAGGAAAG (SEQ ID NO:185);
AGGAGGAAGA (SEQ ID NO:186); GGAGGAAGAG (SEQ ID NO:187);
GAGGAAGAGG (SEQ ID NO:188); AGGAAGAGGT (SEQ ID NO:189);
GGAAGAGGTG (SEQ ID NO:190); GAAGAGGTGG (SEQ ID NO:191);
AAGAGGTGGG (SEQ ID NO:192); AGAGGTGGGT (SEQ ID NO:193);
GAGGTGGGTT (SEQ ID NO:194); AGGTGGGTTT (SEQ ID NO:195);
GGTGGGTTTT (SEQ ID NO:196); GTGGGTTTTTC (SEQ ID NO:197);
TGGGTTTTTCC (SEQ ID NO:198); GGGTTTTTCCA (SEQ ID NO:199);
GGTTTTTCCAG (SEQ ID NO:200); GTTTTTCCAGT (SEQ ID NO:201);
TTTTTCCAGTC (SEQ ID NO:202); TTTCCAGTCA (SEQ ID NO:203);
TTCCAGTCAC (SEQ ID NO:204); TCCAGTCACA (SEQ ID NO:205);
CCAGTCACAC (SEQ ID NO:206); CAGTCACACC (SEQ ID NO:207);
AGTCACACCT (SEQ ID NO:208); CTCACACCTC (SEQ ID NO:209);
TCACACCTCA (SEQ ID NO:210); CACACCTCAG (SEQ ID NO:211);
ACACCTCAGG (SEQ ID NO:212); CACCTCAGGT (SEQ ID NO:213);
ACCTCAGGTA (SEQ ID NO:214); CCTCAGGTAC (SEQ ID NO:215);
CTCAGGTACC (SEQ ID NO:216); TCAGGTACCT (SEQ ID NO:217);
CAGGTACCTT (SEQ ID NO:218); AGGTACCTTT (SEQ ID NO:219);
GGTACCTTTA (SEQ ID NO:220); GTACCTTTAA (SEQ ID NO:221);
TACCTTTAAG (SEQ ID NO:222); ACCTTTAAGA (SEQ ID NO:223);
CCTTTAAGAC (SEQ ID NO:224); CTTTAAGACC (SEQ ID NO:225);
TTTAAGACCA (SEQ ID NO:226); TTAAGACCAA (SEQ ID NO:227);
TAAGACCAAT (SEQ ID NO:228); AAGACCAATG (SEQ ID NO:229);
AGACCAATGA (SEQ ID NO:230); GACCAATGAC (SEQ ID NO:231);
ACCAATGACT (SEQ ID NO:232); CCAATGACTT (SEQ ID NO:233);
CAATGACTTA (SEQ ID NO:234); AATGACTTAC (SEQ ID NO:235);
ATGACTTACA (SEQ ID NO:236); TGACTTACAA (SEQ ID NO:237);
GACTTACAAG (SEQ ID NO:238); ACTTACAAGG (SEQ ID NO:239);
CTTACAAGGC (SEQ ID NO:240); TTACAAGGCA (SEQ ID NO:241);
TACAAGGCAG (SEQ ID NO:242); ACAAGGCAGC (SEQ ID NO:243);
CAAGGCAGCT (SEQ ID NO:244); AAGGCAGCTG (SEQ ID NO:245);
AGGCAGCTGT (SEQ ID NO:246); GGCAGCTGTA (SEQ ID NO:247);
GCAGCTGTAG (SEQ ID NO:248); CAGCTGTAGA (SEQ ID NO:249);

950606.pptepetgh.HIV1.US

344
-233-

AGCTGTAGAT (SEQ ID NO:250); GCTGTAGATC (SEQ ID NO:251);
CTGTAGATCT (SEQ ID NO:252); TGTAGATCTT (SEQ ID NO:253);
GTAGATCTTA (SEQ ID NO:254); TAGATCTTAG (SEQ ID NO:255);
AGATCTTAGC (SEQ ID NO:256); GATCTTAGCC (SEQ ID NO:257);
ATCTTAGCCA (SEQ ID NO:258); TCTTAGCCAC (SEQ ID NO:259);
CTTAGCCACT (SEQ ID NO:260); TTAGCCACTT (SEQ ID NO:261);
TAGCCACTTT (SEQ ID NO:262); AGCCACTTTT (SEQ ID NO:263);
GCCACTTTTT (SEQ ID NO:264); CCACTTTTTA (SEQ ID NO:265);
CACTTTTTAA (SEQ ID NO:266); ACTTTTTTAA (SEQ ID NO:267);
CTTTTTTAAA (SEQ ID NO:268); TTTTTTAAAG (SEQ ID NO:269);
TTTTTAAAGA (SEQ ID NO:270); TTTTAAAGAA (SEQ ID NO:271);
TTTAAAGAAA (SEQ ID NO:272); TAAAGAAAAA (SEQ ID NO:273);
AAAAGAAAAG (SEQ ID NO:274); AAAGAAAAGG (SEQ ID NO:275);
AAGAAAAGGG (SEQ ID NO:276); AGAAAAGGGG (SEQ ID NO:277);
GAAAAGGGGG (SEQ ID NO:278); AAAGGGGGGG (SEQ ID NO:279);
AAAGGGGGGA (SEQ ID NO:280); AAGGGGGGAC (SEQ ID NO:281);
AGGGGGGACT (SEQ ID NO:282); GGGGGGACTG (SEQ ID NO:283);
GGGGGACTGG (SEQ ID NO:284); GGGGACTGGA (SEQ ID NO:285);
GGGACTGGAA (SEQ ID NO:286); GGACTGGAAG (SEQ ID NO:287);
GACTGGAAGG (SEQ ID NO:288); ACTGGAAGGG (SEQ ID NO:289);
CTGGAAGGGC (SEQ ID NO:290); TGAAGGGGCT (SEQ ID NO:291);
GGAAGGGCTA (SEQ ID NO:292); GAAGGGCTAA (SEQ ID NO:293);
AAGGGCTAAT (SEQ ID NO:294); AGGGCTAATT (SEQ ID NO:295);
GGGCTAATTC (SEQ ID NO:296); GGCTAATTCA (SEQ ID NO:297);
GCTAATTCAC (SEQ ID NO:298); CTAATTCACT (SEQ ID NO:299);
TAATTCACTC (SEQ ID NO:300); AATTCACTCC (SEQ ID NO:301);
ATTCACTCCC (SEQ ID NO:302); TTCACTCCCA (SEQ ID NO:303);
TCACTCCCAA (SEQ ID NO:304); CACTCCCAA (SEQ ID NO:305);
ACTCCCAAAG (SEQ ID NO:306); CTCCCAAAGA (SEQ ID NO:307);
TCCCAAAGAA (SEQ ID NO:308); CCCAAAGAAG (SEQ ID NO:309);
CCAAAGAAGA (SEQ ID NO:310); CAAAGAAGAC (SEQ ID NO:311);
AAAGAAGACA (SEQ ID NO:312); AAGAAGACAA (SEQ ID NO:313);
AGAAGACAAG (SEQ ID NO:314); GAAGACAAGA (SEQ ID NO:315);
AAGACAAGAT (SEQ ID NO:316); AGACAAGATA (SEQ ID NO:317);
GACAAGATAT (SEQ ID NO:318); ACAAGATATC (SEQ ID NO:319);
CAAGATATCC (SEQ ID NO:320); AAGATATCCT (SEQ ID NO:321);
AGATATCCTT (SEQ ID NO:322); GATATCCTTG (SEQ ID NO:323);
ATATCCTTGA (SEQ ID NO:324); TATCCTTGAT (SEQ ID NO:325);

B6E060 E3254FED

950606.ppt.aparcjh.HIV1.U

345
- 234 -

| | |
|-----------------------------|-----------------------------|
| ATCCTTGATC (SEQ ID NO:326); | TCCTTGATCT (SEQ ID NO:327); |
| CCTTGATCTG (SEQ ID NO:328); | CTTGATCTGT (SEQ ID NO:329); |
| TTGATCTGTG (SEQ ID NO:330); | TGATCTGTGG (SEQ ID NO:331); |
| GATCTGTGGA (SEQ ID NO:332); | ATCTGTGGAT (SEQ ID NO:333); |
| TCTGTGGATC (SEQ ID NO:334); | CTGTGGATCT (SEQ ID NO:335); |
| TGTGGATCTA (SEQ ID NO:336); | GTGGATCTAC (SEQ ID NO:337); |
| TGGATCTACC (SEQ ID NO:338); | GGATCTACCA (SEQ ID NO:339); |
| GATCTACCAC (SEQ ID NO:340); | ATCTACCACA (SEQ ID NO:341); |
| TCTACCACAC (SEQ ID NO:342); | CTACCACACA (SEQ ID NO:343); |
| TACCACACAC (SEQ ID NO:344); | ACCACACACA (SEQ ID NO:345); |
| CCACACACAA (SEQ ID NO:346); | CACACACAAG (SEQ ID NO:347); |
| ACACACAAGG (SEQ ID NO:348); | CACACAAGGC (SEQ ID NO:349); |
| ACACAAGGCT (SEQ ID NO:350); | CACAAGGCTA (SEQ ID NO:351); |
| ACAAGGCTAC (SEQ ID NO:352); | CAAGGCTACT (SEQ ID NO:353); |
| AAGGCTACTT (SEQ ID NO:354); | AGGCTACTTC (SEQ ID NO:355); |
| GGCTACTTCC (SEQ ID NO:356); | GCTACTTCCC (SEQ ID NO:357); |
| CTACTTCCCT (SEQ ID NO:358); | TACTTCCCTG (SEQ ID NO:359); |
| ACTTCCCTGA (SEQ ID NO:360); | CTTCCCTGAT (SEQ ID NO:361); |
| TTCCCTGATT (SEQ ID NO:362); | TCCCTGATTG (SEQ ID NO:363); |
| CCCTGATTGG (SEQ ID NO:364); | CCTGATTGGC (SEQ ID NO:365); |
| CTGATTGGCA (SEQ ID NO:366); | TGATTGGCAG (SEQ ID NO:367); |
| GATTGGCAGA (SEQ ID NO:368); | ATGGGCAGAA (SEQ ID NO:369); |
| TTGGCAGAAC (SEQ ID NO:370); | TGGCAGAACT (SEQ ID NO:371); |
| GGCAGAACTA (SEQ ID NO:372); | GCAGAACTAC (SEQ ID NO:373); |
| CAGAACTACA (SEQ ID NO:374); | AGAACTACAC (SEQ ID NO:375); |
| GAACTACACA (SEQ ID NO:376); | AACTACACAC (SEQ ID NO:377); |
| ACTACACACC (SEQ ID NO:378); | CTACACACCA (SEQ ID NO:379); |
| TACACACCAG (SEQ ID NO:380); | ACACACCAGG (SEQ ID NO:381); |
| CACACCAGGG (SEQ ID NO:382); | ACACCAGGGC (SEQ ID NO:383); |
| CACCAGGGCC (SEQ ID NO:384); | ACCAGGGCCA (SEQ ID NO:385); |
| CCAGGGCCAG (SEQ ID NO:386); | CAGGGCCAGG (SEQ ID NO:387); |
| AGGGCCAGGG (SEQ ID NO:388); | GGGCCAGGGG (SEQ ID NO:389); |
| GGCCAGGGGT (SEQ ID NO:390); | GCCAGGGGTC (SEQ ID NO:391); |
| CCAGGGGTCA (SEQ ID NO:392); | CAGGGGTCAG (SEQ ID NO:393); |
| AGGGGTCAGA (SEQ ID NO:394); | GGGGTCAGAT (SEQ ID NO:395); |
| GGGTCAGATA (SEQ ID NO:396); | GGTCAGATAT (SEQ ID NO:397); |
| GTCAGATATC (SEQ ID NO:398); | TCAGATATCC (SEQ ID NO:399); |
| CAGATATCCA (SEQ ID NO:400); | AGATATCCAC (SEQ ID NO:401); |

346
- 235 -

| | |
|------------------------------|-----------------------------|
| GATATCCACT (SEQ ID NO:402); | ATATCCACTG (SEQ ID NO:403); |
| TATCCACTGA (SEQ ID NO:404); | ATCCACTGAC (SEQ ID NO:405); |
| TCCACTGACC (SEQ ID NO:406); | CCACTGACCT (SEQ ID NO:407); |
| CACTGACCTT (SEQ ID NO:408); | ACTGACCTTT (SEQ ID NO:409); |
| CTGACCTTTG (SEQ ID NO:410); | TGACCTTTGG (SEQ ID NO:411); |
| GACCTTTTGA (SEQ ID NO:412); | ACCTTTGGAT (SEQ ID NO:413); |
| CCTTTGGATG (SEQ ID NO:414); | CTTTGGATGG (SEQ ID NO:415); |
| TTTGGATGGT (SEQ ID NO:416); | TTGGATGGTG (SEQ ID NO:417); |
| TGGATGGTGC (SEQ ID NO:418); | GGATGGTGCT (SEQ ID NO:419); |
| GATGGTGCTA (SEQ ID NO:420); | ATGGTGCTAC (SEQ ID NO:421); |
| TGGTGCTACA (SEQ ID NO:422); | GGTGCTACAA (SEQ ID NO:423); |
| GTGCTACAAG (SEQ ID NO:424); | TGCTACAAGC (SEQ ID NO:425); |
| GCTACAAGCT (SEQ ID NO:426); | CTACAAGCTA (SEQ ID NO:427); |
| TACAAGCTAG (SEQ ID NO:428); | ACAAGCTAGT (SEQ ID NO:429); |
| CAAGCTAGTA (SEQ ID NO:430); | AAGCTAGTAC (SEQ ID NO:431); |
| AGCTAGTACC (SEQ ID NO:432); | GCTAGTACCA (SEQ ID NO:433); |
| CTAGTACCAG (SEQ ID NO:434); | TAGTACCAGT (SEQ ID NO:435); |
| AGTACCAGTT (SEQ ID NO:436); | GTACCAGTTG (SEQ ID NO:437); |
| TACCAGTTGA (SEQ ID NO:438); | ACCAGTTGAG (SEQ ID NO:439); |
| CCAGTTGAGC (SEQ ID NO:440); | CAGTTGAGCC (SEQ ID NO:441); |
| AGTTGAGCCA (SEQ ID NO:442); | GTTGAGCCAG (SEQ ID NO:443); |
| TTGAGCCAGA (SEQ ID NO:444); | TGAGCCAGAT (SEQ ID NO:445); |
| GAGCCAGATA (SEQ ID NO:446); | AGCCAGATAA (SEQ ID NO:447); |
| GCCAGATAAG (SEQ ID NO:448); | CCAGATAAGG (SEQ ID NO:449); |
| CAGATAAGGT (SEQ ID NO:450); | AGATAAGGTA (SEQ ID NO:451); |
| GATAAGGTAG (SEQ ID NO:452); | ATAAGGTAGA (SEQ ID NO:453); |
| TAAGGTAGAA (SEQ ID NO:454); | AAGGTAGAAG (SEQ ID NO:455); |
| AGGTAGAAGA (SEQ ID NO:456); | GGTAGAAGAG (SEQ ID NO:457); |
| GTAGAAGAGG (SEQ ID NO:458); | TAGAAGAGGC (SEQ ID NO:459); |
| AGAAGAGGCC (SEQ ID NO:460); | GAAGAGGCCA (SEQ ID NO:461); |
| AAGAGGCCAA (SEQ ID NO:462); | AGAGGCCAAT (SEQ ID NO:463); |
| GAGGCCAATA (SEQ ID NO:464); | AGGCCAATAA (SEQ ID NO:465); |
| GGCCAATAAA (SEQ ID NO:466); | GCCAATAAAG (SEQ ID NO:467); |
| CCAATAAAGG (SEQ ID NO:468); | CAATAAAGGA (SEQ ID NO:469); |
| AATAAAGGAG (SEQ ID NO:470); | ATAAAGGAGA (SEQ ID NO:471); |
| TAAAGGAGAG (SEQ ID NO:472); | AAAGGAGAGA (SEQ ID NO:473); |
| AAGGAGAGAA (SEQ ID NO:474); | AGGAGAGAAC (SEQ ID NO:475); |
| GGAGAGAACAA (SEQ ID NO:476); | GAGAGAACAC (SEQ ID NO:477); |

CONFIDENTIAL

950606.pcr.pcr.pcr.pcr.pcr.pcr

347
-236-

AGAGAACACC (SEQ ID NO:478); GAGAACACCA (SEQ ID NO:479);
AGAACACCAG (SEQ ID NO:480); GAACACCAGC (SEQ ID NO:481);
AACACCAGCT (SEQ ID NO:482); ACACCAGCTT (SEQ ID NO:483);
CACCAGCTTG (SEQ ID NO:484); ACCAGCTTGT (SEQ ID NO:485);
CCAGCTTGTT (SEQ ID NO:486); CAGCTTGTTA (SEQ ID NO:487);
AGCTTGTTAC (SEQ ID NO:488); GCTTGTTACA (SEQ ID NO:489);
CTTGTTACAC (SEQ ID NO:490); TTGTTACACC (SEQ ID NO:491);
TGTTACACCC (SEQ ID NO:492); GTTACACCCT (SEQ ID NO:493);
TTACACCCTG (SEQ ID NO:494); TACACCCTGT (SEQ ID NO:495);
ACACCCTGTG (SEQ ID NO:496); CACCCTGTGA (SEQ ID NO:497);
ACCCTGTGAG (SEQ ID NO:498); CCTGTGAGC (SEQ ID NO:499);
CCTGTGAGCC (SEQ ID NO:500); CTGTGAGCCT (SEQ ID NO:501);
TGTGAGCCTG (SEQ ID NO:502); GTGAGCCTGC (SEQ ID NO:503);
TGAGCCTGCA (SEQ ID NO:504); GAGCCTGCAT (SEQ ID NO:505);
AGCCTGCATG (SEQ ID NO:506); GCCTGCATGG (SEQ ID NO:507);
CCTGCATGGA (SEQ ID NO:508); CTGCATGGAA (SEQ ID NO:509);
TGCATGGAAT (SEQ ID NO:510); GCATGGAATG (SEQ ID NO:511);
CATGGAATGG (SEQ ID NO:512); ATGGAATGGA (SEQ ID NO:513);
TGGAATGGAT (SEQ ID NO:514); GGAATGGATG (SEQ ID NO:515);
GAATGGATGA (SEQ ID NO:516); AATGGATGAC (SEQ ID NO:517);
ATGGATGACC (SEQ ID NO:518); TGGATGACCC (SEQ ID NO:519);
GGATGACCCT (SEQ ID NO:520); GATGACCCTG (SEQ ID NO:521);
ATGACCCTGA (SEQ ID NO:522); TGAACCCTGAG (SEQ ID NO:523);
GACCCTGAGA (SEQ ID NO:524); ACCCTGAGAG (SEQ ID NO:525);
CCCTGAGAGA (SEQ ID NO:526); CCTGAGAGAG (SEQ ID NO:527);
CTGAGAGAGA (SEQ ID NO:528); TGAGAGAGAA (SEQ ID NO:529);
GAGAGAGAAG (SEQ ID NO:530); AGAGAGAAGT (SEQ ID NO:531);
GAGAGAAGTG (SEQ ID NO:532); AGAGAAGTGT (SEQ ID NO:533);
GAGAAGTGTT (SEQ ID NO:534); AGAAGTGTTA (SEQ ID NO:535);
GAAGTGTTAG (SEQ ID NO:536); AAGTGTTAGA (SEQ ID NO:537);
AGTGTTAGAG (SEQ ID NO:538); GTGTTAGAGT (SEQ ID NO:539);
TGTTAGAGTG (SEQ ID NO:540); GTTAGAGTGG (SEQ ID NO:541);
TTAGAGTGGA (SEQ ID NO:542); TAGAGTGGAG (SEQ ID NO:543);
AGAGTGGAGG (SEQ ID NO:544); GAGTGGAGGT (SEQ ID NO:545);
AGTGGAGGTT (SEQ ID NO:546); GTGGAGGTTT (SEQ ID NO:547);
TGGAGGTTTG (SEQ ID NO:548); GGAGGTTTGA (SEQ ID NO:549);
GAGGTTTGAC (SEQ ID NO:550); AGGTTTGACA (SEQ ID NO:551);
GGTTTGACAG (SEQ ID NO:552); GTTTGACAGC (SEQ ID NO:553);

014529-090299

091632-2

348
-237-

| | |
|----------------------------|----------------------------|
| ACCAGCTTGT [SEQ ID NO:803] | CCAGCTTGTT [SEQ ID NO:804] |
| CAGCTTGTTA [SEQ ID NO:805] | AGCTTGTTAC [SEQ ID NO:806] |
| GCTTGTTACA [SEQ ID NO:807] | CTTGTTACAC [SEQ ID NO:808] |
| TTGTTACACC [SEQ ID NO:809] | TGTTACACCC [SEQ ID NO:810] |

950606.p\apar\cjh\HIV1.0

349
-238-

| | |
|----------------------------|----------------------------|
| GTTACACCCT [SEQ ID NO:811] | TTACACCCTG [SEQ ID NO:812] |
| TACACCCTGT [SEQ ID NO:813] | ACACCCTGTG [SEQ ID NO:814] |
| CACCCTGTGA [SEQ ID NO:815] | ACCCTGTGAG [SEQ ID NO:816] |
| CCCTGTGAGC [SEQ ID NO:817] | CCTGTGAGCC [SEQ ID NO:818] |
| CTGTGAGCCT [SEQ ID NO:819] | TGTGAGCCTG [SEQ ID NO:820] |
| GTGAGCCTGC [SEQ ID NO:821] | TGAGCCTGCA [SEQ ID NO:822] |
| GAGCCTGCAT [SEQ ID NO:823] | AGCCTGCATG [SEQ ID NO:824] |
| GCCTGCATGG [SEQ ID NO:825] | CCTGCATGGA [SEQ ID NO:826] |
| CTGCATGGAA [SEQ ID NO:827] | TGCATGGAAT [SEQ ID NO:828] |
| GCATGGAATG [SEQ ID NO:829] | CATGGAATGG [SEQ ID NO:830] |
| ATGGAATGGA [SEQ ID NO:831] | TGGAATGGAT [SEQ ID NO:832] |
| GGAATGGATG [SEQ ID NO:833] | GAATGGATGA [SEQ ID NO:834] |
| AATGGATGAC [SEQ ID NO:835] | ATGGATGACC [SEQ ID NO:836] |
| TGGATGACCC [SEQ ID NO:837] | GGATGACCCT [SEQ ID NO:838] |
| GATGACCCTG [SEQ ID NO:839] | ATGACCCTGA [SEQ ID NO:840] |
| TGACCCTGAG [SEQ ID NO:841] | |

45. A method according to claim 38 wherein said deletion encompasses at least one of the following decanucleotides from the LTR region of HIV-1_{NL43}:

| | |
|-----------------------------|------------------------------|
| GCTTTTGGCC (SEQ ID NO:652); | CTTTTGCCT (SEQ ID NO:653); |
| TTTTTGCCTG (SEQ ID NO:654); | TTTTCCTGT (SEQ ID NO:655); |
| TTTGCCTGTA (SEQ ID NO:656); | TTCCTGTAC (SEQ ID NO:657); |
| TGCCTGTACT (SEQ ID NO:658); | GCTGTACTG (SEQ ID NO:659); |
| CCTGTACTGG (SEQ ID NO:660); | CTGTACTGGG (SEQ ID NO:661); |
| TGTACTGGGT (SEQ ID NO:662); | GTA CTGGGTC (SEQ ID NO:663); |
| TACTGGGTCT (SEQ ID NO:664); | ACTGGGTCTC (SEQ ID NO:665); |
| CTGGGTCTCT (SEQ ID NO:666); | TGGGTCTCTC (SEQ ID NO:667); |
| GGGTCTCTCT (SEQ ID NO:668); | GGTCTCTCTG (SEQ ID NO:669); |
| GTCTCTCTGG (SEQ ID NO:670); | TCTCTCTGGT (SEQ ID NO:671); |
| CTCTCTGGTT (SEQ ID NO:672); | TCTCTGGTTA (SEQ ID NO:673); |
| CTCTGGTTAG (SEQ ID NO:674); | TCTCTGGTTA (SEQ ID NO:675); |
| CTGGTTAGAC (SEQ ID NO:676); | TGGTTAGACC (SEQ ID NO:677); |
| GGTTAGACCA (SEQ ID NO:678); | GTTAGACCAG (SEQ ID NO:679); |
| TTAGACCAGA (SEQ ID NO:680); | TAGACCAGAT (SEQ ID NO:681); |
| AGACCAGATC (SEQ ID NO:682); | GACCAGATCT (SEQ ID NO:683); |
| ACCAGATCTG (SEQ ID NO:684); | CCAGATCTGA (SEQ ID NO:685); |
| CAGATCTGAG (SEQ ID NO:686); | AGATCTGAGC (SEQ ID NO:687); |

09145783-090398

950606.p\oper\ch.HIVI. 39

350
- 239 -

GATCTGAGCC (SEQ ID NO:688); ATCTGAGCCT (SEQ ID NO:689);
TCTGAGCCTG (SEQ ID NO:690); CTGAGCCTGG (SEQ ID NO:691);
TGAGCCTGGG (SEQ ID NO:692); GAGCCTGGGA (SEQ ID NO:693);
AGCCTGGGAG (SEQ ID NO:694); GCCTGGGAGC (SEQ ID NO:695);
CCTGGGAGCT (SEQ ID NO:696); CTGGGAGCTC (SEQ ID NO:697);
TGGGAGCTCT (SEQ ID NO:698); GGGAGCTCTC (SEQ ID NO:699);
GGAGCTCTCT (SEQ ID NO:700); GAGCTCTCTG (SEQ ID NO:701);
AGCTCTCTGG (SEQ ID NO:702); GCTCTCTGGC (SEQ ID NO:703);
CTCTCTGGCT (SEQ ID NO:704); TCTCTGGCTA (SEQ ID NO:705);
CTCTGGCTAA (SEQ ID NO:706); TCTGGCTAAC (SEQ ID NO:707);
CTGGCTAACT (SEQ ID NO:708); TGGCTAACTA (SEQ ID NO:709);
GGCTAACTAG (SEQ ID NO:710); GCTAACTAGG (SEQ ID NO:711);
CTAACTAGGG (SEQ ID NO:712); TAACTAGGGA (SEQ ID NO:713);
AACTAGGGAA (SEQ ID NO:714); ACTAGGGAAC (SEQ ID NO:715);
CTAGGGAACC (SEQ ID NO:716); TAGGGAACCC (SEQ ID NO:717);
AGGGAACCCA (SEQ ID NO:718); GGGGAACCCAC (SEQ ID NO:719);
GGAACCCACT (SEQ ID NO:720); GAACCCACTG (SEQ ID NO:721);
AACCCACTGC (SEQ ID NO:722); AGCCACTGCT (SEQ ID NO:723);
CCCACTGCTT (SEQ ID NO:724); CCACTGCTTA (SEQ ID NO:725);
CACTGCTTAA (SEQ ID NO:726); ACTGCTTAAG (SEQ ID NO:727);
CTGCTTAAGC (SEQ ID NO:728); TGCTTAAGCC (SEQ ID NO:729);
GCTTAAGCCT (SEQ ID NO:730); CTTAAGCCTC (SEQ ID NO:731);
TTAAGCCTCA (SEQ ID NO:732); TAAGCCTCAA (SEQ ID NO:733);
AAGCCTCAAT (SEQ ID NO:734); AGCCTCAATA (SEQ ID NO:735);
GCCTCAATAA (SEQ ID NO:736); CCTCAATAAA (SEQ ID NO:737);
CTCAATAAAG (SEQ ID NO:738); TCAATAAAGC (SEQ ID NO:739);
CAATAAAGCT (SEQ ID NO:740); AATAAAGCTT (SEQ ID NO:741);
ATAAAGCTTG (SEQ ID NO:742); TAAAGCTTGC (SEQ ID NO:743);
AAAGCTTGCC (SEQ ID NO:744); AAGCTTGCCCT (SEQ ID NO:745);
AGCTTGCCCTT (SEQ ID NO:746); GGTGCTTGCTG (SEQ ID NO:747);
CTTGCTTGGA (SEQ ID NO:748); TTGCTTGAG (SEQ ID NO:749);
TGCTTGAGT (SEQ ID NO:750); GCCCTGAGTG (SEQ ID NO:751);
CCTTGAGTGC (SEQ ID NO:752); CTTGAGTGCT (SEQ ID NO:753);
TTGAGTGCTT (SEQ ID NO:754); TGAGTGCTTC (SEQ ID NO:755);
GAGTGCTTCA (SEQ ID NO:756); AGTGCTTCAA (SEQ ID NO:757);
GTGCTTCAAG (SEQ ID NO:758); TGCTTCAAGT (SEQ ID NO:759);
GCTTCAAGTA (SEQ ID NO:760); CTTCAAGTAG (SEQ ID NO:761);
TTCAAGTAGT (SEQ ID NO:762); TCAAGTAGTG (SEQ ID NO:763);

00145783 090398

950606.g*epoAgJ.HIV1.D

351
- 240 -

CAAGTAGTGT (SEQ ID NO:764); AAGTAGTGTG (SEQ ID NO:765);
 AGTAGTGTGT (SEQ ID NO:766); GTAGTGTGTG (SEQ ID NO:767);
 TAGTGTGTGC (SEQ ID NO:768); AGTGTGTGCC (SEQ ID NO:769);
 GTGTGTGCCC (SEQ ID NO:770); TGTGTGCCCC (SEQ ID NO:771);
 GTGTGCCCCG (SEQ ID NO:772); TGTGCCCCGTC (SEQ ID NO:773);
 GTGCCCCGTCT (SEQ ID NO:774); TGCCCCGTCTG (SEQ ID NO:775);
 GCCCCGTCTGT (SEQ ID NO:776); CCGCTCTGTT (SEQ ID NO:777);
 CCGTCTGTTG (SEQ ID NO:778); CGTCTGTTGT (SEQ ID NO:779);
 GTCTGTTGTG (SEQ ID NO:780); TCTGTTGTGT (SEQ ID NO:781);
 CTGTTGTGTG (SEQ ID NO:782); TGTGTGTGA (SEQ ID NO:783);
 GTTGTGTGAC (SEQ ID NO:784); TTGTGTGACT (SEQ ID NO:785);
 TGTGTGACTC (SEQ ID NO:786); GTGTGACTCT (SEQ ID NO:787);
 TGTGTGACTC (SEQ ID NO:788); GTGTGACTCT (SEQ ID NO:789);
 TGTGACTCTG (SEQ ID NO:790); GTGACTCTGG (SEQ ID NO:791);
 TGACTCTGGT (SEQ ID NO:792); GACTCTGGTA (SEQ ID NO:793);
 ACTCTGGTAA (SEQ ID NO:794); CTCTGGTAAC (SEQ ID NO:795);
 TCTGGTAACT (SEQ ID NO:796); CTGGTAACTA (SEQ ID NO:797);
 TGGTAACTAG (SEQ ID NO:798); GGTAAGTAGA (SEQ ID NO:799).

46. A method according to claim 30 wherein said HIV-1 isolate has the identifying characteristics of HIV-1 isolate ECACC Accession No. V94101706 or HIV-1 isolate ECACC Accession No. V941031169 or HIV-1 isolate ECACC Accession No. V95031022.

47. A method according to claim 30 wherein the HIV-1 isolate is reactive to antibodies to a glycoprotein of HIV-1, is capable of inducing an immune response of *gag*, *pol* and/or *env* and which is incapable of directing synthesis of a *nef* gene product or a full length *nef* gene product.

48. A method according to claim 47 wherein the glycoprotein is at least one of gp41-45, gp120 and/or gp160.

49. A method for vaccinating an individual against the development of AIDS or AIDS related diseases, said method comprising administering to said individual a non-pathogenic isolate of HIV-1 in an amount effective to infect target cells and to generate

Sub
B2

50145329450

950606.pptoprtqjh.HIV1.U

352
-241-

target cells carrying DNA derived from said non-pathogenic HIV-1.

50. A method according to claim 49 wherein said isolate is capable of stimulating an immune response in a human or primate against at least one glycoprotein on HIV-1 whilst not substantially reducing proliferative responses and cytokine production to a mitogen in said human or primate compared to a healthy, non-infected human or primate subject.

51. A method according to claim 50 wherein said isolate carries one or more mutations in its genome resulting in the inability to direct synthesis of at least one polypeptide or protein from a pathogenic strain of HIV-1.

52. A method according to claim 49 wherein said isolate carries one or more mutations in its genome resulting in said genome directing synthesis of a truncated form of a polypeptide or protein from a pathogenic strain of HIV-1.

53. A method according to claim 51 or 52 wherein said HIV-1 isolate carries a mutation in its *nef* gene and/or long terminal repeat (LTR) region or in a functionally equivalent location in the HIV-1 genome.

54. A method according to claim 53 wherein said HIV-1 isolate is reactive to antibodies to gp41-45, gp120 and/or gp160 of HIV-1 and carries a deletion of at least ten contiguous nucleotides in a region corresponding to the *nef* gene and/or LTR region of pathogenic HIV-1.

55. A method according to claim 53 wherein said HIV-1 isolate encodes a modified Nef protein without amino acids 162 to 177 of wild-type HIV-1_{NL43} Nef.

56. A method according to claim 54 or 55 wherein said HIV-1 isolate is capable of inducing an immune response to at least one of *gag*, *pol* and/or *env*.

00146783-000399

353
-242-

57. A method according to claim 56 wherein said HIV-1 isolate carries a deletion in its genome of at least 10 nucleotides within the region from nucleotide 8787 to nucleotide 9709 using the nucleotide numbering of HIV-1_{NL43}.

58. A method according to claim 57 wherein said isolate carries a deletion in its genome of at least 10 nucleotides within a region selected from the list consisting of:

| | | |
|------------|-------|----------------|
| nucleotide | (i) | 8830-8862; |
| | (ii) | 9009-9035; |
| | (iii) | 9019-9029; and |
| | (iv) | 9033-9049. |

59. A method according to claim 57 wherein said isolate carries a deletion in its genome of at least 10 nucleotides within a region selected from the list consisting of:

| | | |
|------------|--------|----------------|
| nucleotide | (v) | 9281-9371; |
| | (vi) | 9281-9362; |
| | (vii) | 9105-9224; and |
| | (viii) | 9271-9370. |

60. A method according to claim 57 wherein said isolate carries a deletion in its genome of at least 10 nucleotides within a region selected from the list consisting of:

| | | |
|------------|-------|----------------|
| nucleotide | (ix) | 8882-8928; |
| | (x) | 8850-9006; |
| | (xi) | 8792-9041; and |
| | (xii) | 9112-9204. |

61. A method according to claim 57 wherein said isolate carries a deletion in its genome of at least 10 nucleotides within a region selected from the list consisting of:

| | | |
|------------|--------|----------------|
| nucleotide | (xiii) | 9105-9224; |
| | (xiv) | 9389-9395; and |
| | (xv) | 9281-9366. |

09145783-090349

950606.gapmap.hiv1.us57.343

254
- 243 -

62. A method according to claim 57 wherein said deletion encompasses at least one of the following decanucleotides from the nef gene of HIV-1_{MLA3}:

| | |
|----------------------------|----------------------------|
| ATGGGTGGCA (SEQ ID NO:2); | TGGGTGGCAA (SEQ ID NO:3); |
| GGGTGGCAAG (SEQ ID NO:4); | GGTGGCAAGT (SEQ ID NO:5); |
| GTGGCAAGTG (SEQ ID NO:6); | TGGCAAGTGG (SEQ ID NO:7); |
| GGCAAGTGGT (SEQ ID NO:8); | GCAAGTGGTC (SEQ ID NO:9); |
| CAAGTGGTCA (SEQ ID NO:10); | AAOTGGTCAA (SEQ ID NO:11); |
| AGTGGTCAAA (SEQ ID NO:12); | GTGGTCAAAA (SEQ ID NO:13); |
| TGGTCAAAA (SEQ ID NO:14); | GOTCAAAAAG (SEQ ID NO:15); |
| GTCAAAAAGT (SEQ ID NO:16); | TCAAAAAGTA (SEQ ID NO:17); |
| CAAAAAGTAG (SEQ ID NO:18); | AAAAAGTAGT (SEQ ID NO:19); |
| AAAAGTAGTG (SEQ ID NO:20); | AAAGTAGTGT (SEQ ID NO:21); |
| AAGTAGTGTG (SEQ ID NO:22); | AGTAGTGTGA (SEQ ID NO:23); |
| GTAGTGTGAT (SEQ ID NO:24); | TAGTGTGATT (SEQ ID NO:25); |
| AGTGTGATTG (SEQ ID NO:26); | GTGTGATTGG (SEQ ID NO:27); |
| TGTGATTGGA (SEQ ID NO:28); | GTGATTGGAT (SEQ ID NO:29); |
| TGATTGGATG (SEQ ID NO:30); | GATTGGATGG (SEQ ID NO:31); |
| ATTGGATGGC (SEQ ID NO:32); | TTGGATGGCC (SEQ ID NO:33); |
| TGGATGGCCT (SEQ ID NO:34); | GGATGGCCTG (SEQ ID NO:35); |
| GATGGCCTGC (SEQ ID NO:36); | ATGGCCTGCT (SEQ ID NO:37); |
| TGGCCTGCTG (SEQ ID NO:38); | GGGCTGCTGT (SEQ ID NO:39); |
| GCCTGCTGTA (SEQ ID NO:40); | CCTGCTGTAA (SEQ ID NO:41); |
| CTGCTGTAAG (SEQ ID NO:42); | TGCTGTAAGG (SEQ ID NO:43); |
| GCTGTAAGGG (SEQ ID NO:44); | CTGTAAGGGA (SEQ ID NO:45); |
| TGTAAGGGAA (SEQ ID NO:46); | GTAAGGGAAA (SEQ ID NO:47); |
| TAAGGGAAAG (SEQ ID NO:48); | AAGGGAAAGA (SEQ ID NO:49); |
| AGGGAAAGAA (SEQ ID NO:50); | GGGAAAGAAT (SEQ ID NO:51); |
| GGAAAGAATG (SEQ ID NO:52); | GAAAGAATGA (SEQ ID NO:53); |
| AAAGAATGAG (SEQ ID NO:54); | AAGAATGAGA (SEQ ID NO:55); |
| AGAATGAGAC (SEQ ID NO:56); | GAATGAGACG (SEQ ID NO:57); |
| AATGAGACGA (SEQ ID NO:58); | ATGAGACGAG (SEQ ID NO:59); |
| TGAGACGAGC (SEQ ID NO:60); | GAGACGAGCT (SEQ ID NO:61); |
| AGACGAGCTG (SEQ ID NO:62); | GACGAGCTGA (SEQ ID NO:63); |
| ACGAGCTGAG (SEQ ID NO:64); | CGAGCTGAGC (SEQ ID NO:65); |
| GAGCTGAGCC (SEQ ID NO:66); | AGCTGAGCCA (SEQ ID NO:67); |
| GCTGAGCCAG (SEQ ID NO:68); | CTGAGCCAGC (SEQ ID NO:69); |
| TGAGCCAGCA (SEQ ID NO:70); | GAGCCAGCAG (SEQ ID NO:71); |

09146783-090398

950606,ptapwsh,vot1,USA,244

355
-244-

| | |
|-----------------------------|------------------------------|
| AGCCAGCAGC (SEQ ID NO:72); | GCCAGCAGCA (SEQ ID NO:73); |
| CCAGCAGCAG (SEQ ID NO:74); | CAGCAGCAGA (SEQ ID NO:75); |
| AGCAGCAGAT (SEQ ID NO:76); | GCAGCAGATG (SEQ ID NO:77); |
| CAGCAGATGG (SEQ ID NO:78); | AGCAGATGGG (SEQ ID NO:79); |
| GCAGATGGGG (SEQ ID NO:80); | CAGATGGGGT (SEQ ID NO:81); |
| AGATGGGGTG (SEQ ID NO:82); | GATGGGGTGG (SEQ ID NO:83); |
| ATGGGGTGGG (SEQ ID NO:84); | TGGGGTGGGA (SEQ ID NO:85); |
| GGGGTGGGAG (SEQ ID NO:86); | GGGTGGGGGC (SEQ ID NO:87); |
| GGTGGGAGCA (SEQ ID NO:88); | GTGGGAGCAG (SEQ ID NO:89); |
| TGGGAGCAGT (SEQ ID NO:90); | GGGAGCAGTA (SEQ ID NO:91); |
| GGAGCAGTAT (SEQ ID NO:92); | GAGCAGTATC (SEQ ID NO:93); |
| AGCAGTATCT (SEQ ID NO:94); | GCAGTATCTC (SEQ ID NO:95); |
| CAGTATCTCG (SEQ ID NO:96); | AGTATCTCGA (SEQ ID NO:97); |
| GTATCTCGAG (SEQ ID NO:98); | TATCTCGAGA (SEQ ID NO:99); |
| ATCTCGAGAC (SEQ ID NO:100); | TCTCGAGAGC (SEQ ID NO:101); |
| CTCGAGACCT (SEQ ID NO:102); | TCGAGACCTA (SEQ ID NO:103); |
| CGAGACCTAG (SEQ ID NO:104); | GAGACCTAGA (SEQ ID NO:105); |
| AGACCTAGAA (SEQ ID NO:106); | GACCTAGAAA (SEQ ID NO:107); |
| ACCTAGAAAA (SEQ ID NO:108); | OCTAGAAAAA (SEQ ID NO:109); |
| CTAGAAAAAC (SEQ ID NO:110); | TAGAAAAAGA (SEQ ID NO:111); |
| AGAAAAACAT (SEQ ID NO:112); | GAAAAACATG (SEQ ID NO:113); |
| AAAAACATGG (SEQ ID NO:114); | AAACATOGGA (SEQ ID NO:115); |
| AAACATGGAG (SEQ ID NO:116); | AACATGGAGC (SEQ ID NO:117); |
| ACATGGAGCA (SEQ ID NO:118); | CATGGAGCAA (SEQ ID NO:119); |
| ATGGAGCAAT (SEQ ID NO:120); | TGGAGCAATC (SEQ ID NO:121); |
| GGAGCAATCA (SEQ ID NO:122); | GAGCAATCAC (SEQ ID NO:123); |
| AGCAATCACA (SEQ ID NO:124); | GCAATCACAA (SEQ ID NO:125); |
| CAATCACAAG (SEQ ID NO:126); | AATCACAAGT (SEQ ID NO:127); |
| ATCACAAGTA (SEQ ID NO:128); | TCACAAGTAG (SEQ ID NO:129); |
| CACAAGTAGC (SEQ ID NO:130); | ACAAGTAGCA (SEQ ID NO:131); |
| CAAGTAGCAA (SEQ ID NO:132); | AAAGTAGCAAT (SEQ ID NO:133); |
| AGTAGCAATA (SEQ ID NO:134); | GTAGCAATAC (SEQ ID NO:135); |
| TAGCAATACA (SEQ ID NO:136); | AGCAATACAG (SEQ ID NO:137); |
| GCAATACAGC (SEQ ID NO:138); | CAATACAGCA (SEQ ID NO:139); |
| AATACAGCAG (SEQ ID NO:140); | ATACAGCAGC (SEQ ID NO:141); |
| TACAGCAGCT (SEQ ID NO:142); | ACAGCAGCTA (SEQ ID NO:143); |
| CAGCAGCTAA (SEQ ID NO:144); | AGCAGCTAAC (SEQ ID NO:145); |
| GCAGCTAACA (SEQ ID NO:146); | CAGCTAACAA (SEQ ID NO:147); |

950606, p. 1000000, JSA, 245

34
-245-

AGCTAACAAT (SEQ ID NO:14) ; GCTAACAATG (SEQ ID NO:149) ;
CTAACAATGC (SEQ ID NO:150) ; TAACAATGCT (SEQ ID NO:151) ;
AACAATGCTG (SEQ ID NO:152) ; ACAATGCTGC (SEQ ID NO:153) ;
CAATGCTGCT (SEQ ID NO:154) ; AATGCTGCTT (SEQ ID NO:155) ;
ATGCTGCTTG (SEQ ID NO:156) ; TGCTGCTTGT (SEQ ID NO:157) ;
GCTGCTTGTT (SEQ ID NO:158) ; CTGCTTGTGC (SEQ ID NO:159) ;
TGCTTGTGCC (SEQ ID NO:160) ; GCTTGTGCCT (SEQ ID NO:161) ;
CTTGTGCCTG (SEQ ID NO:162) ; TTGTGCCTGG (SEQ ID NO:163) ;
TGTGCCTGGC (SEQ ID NO:164) ; GTGCCTGGCT (SEQ ID NO:165) ;
TGCCTGGCTA (SEQ ID NO:166) ; GCCTGGCTAG (SEQ ID NO:167) ;
CCTGGCTAGA (SEQ ID NO:168) ; CTGGCTAGAA (SEQ ID NO:169) ;
TGGCTAGAAAG (SEQ ID NO:170) ; GGCTAGAAAGC (SEQ ID NO:171) ;
GCTAGAAAGCA (SEQ ID NO:172) ; CTAGAAAGCAC (SEQ ID NO:173) ;
TAGAAGCACAA (SEQ ID NO:174) ; AGAAGCACAA (SEQ ID NO:175) ;
GAAGCACAAAG (SEQ ID NO:176) ; AAGCACAAAG (SEQ ID NO:177) ;
AGCACAAAGAG (SEQ ID NO:178) ; GCACAAAGAGG (SEQ ID NO:179) ;
CACAAAGAGGA (SEQ ID NO:180) ; ACNAGAGGAG (SEQ ID NO:181) ;
CAAGAGGAGG (SEQ ID NO:182) ; AAGAGGAGGA (SEQ ID NO:183) ;
AGAGGAGGAA (SEQ ID NO:184) ; GAGGAGGAAG (SEQ ID NO:185) ;
AGGAGGAAGA (SEQ ID NO:186) ; GGAGGAAGAG (SEQ ID NO:187) ;
GAGGAAGAGG (SEQ ID NO:188) ; AGGAAGAGGT (SEQ ID NO:189) ;
GGAAGAGGTT (SEQ ID NO:190) ; GAGAGGTTGG (SEQ ID NO:191) ;
AAGAGGTTGG (SEQ ID NO:192) ; AGAGGTTGGT (SEQ ID NO:193) ;
GAGGTTGGTT (SEQ ID NO:194) ; AGGTTGGTTT (SEQ ID NO:195) ;
GGTGGTTTTC (SEQ ID NO:196) ; GTGGGTTTTC (SEQ ID NO:197) ;
TGGGTTTTC (SEQ ID NO:198) ; GGGTTTTC (SEQ ID NO:199) ;
GGTTTTCAG (SEQ ID NO:200) ; GTTTTTCAGT (SEQ ID NO:201) ;
TTTTCCAGTC (SEQ ID NO:202) ; TTTCAGTCA (SEQ ID NO:203) ;
TTCCAGTCAC (SEQ ID NO:204) ; TCCAGTCACA (SEQ ID NO:205) ;
CCAGTCACAC (SEQ ID NO:206) ; CAGTCACACC (SEQ ID NO:207) ;
AGTCACACCT (SEQ ID NO:208) ; GTCACACCTC (SEQ ID NO:209) ;
TCACACCTCA (SEQ ID NO:210) ; CAGACCTCAG (SEQ ID NO:211) ;
ACACCTCAGG (SEQ ID NO:212) ; CAGCTCAGGT (SEQ ID NO:213) ;
ACCTCAGGTA (SEQ ID NO:214) ; CCTCAGGTAC (SEQ ID NO:215) ;
CTCAGGTACC (SEQ ID NO:216) ; TCAGGTACCT (SEQ ID NO:217) ;
CAGGTACCTT (SEQ ID NO:218) ; AGGTACCTTT (SEQ ID NO:219) ;
GGTACCTTTA (SEQ ID NO:220) ; GTACCTTTAA (SEQ ID NO:221) ;
TACCTTTAAG (SEQ ID NO:222) ; ACCTTTAAGA (SEQ ID NO:223) ;

00145703-090399

357
- 245 -

| | |
|-----------------------------|-----------------------------|
| CCTTTAAGAC (SEQ ID NO:224); | CTTTAAGACC (SEQ ID NO:225); |
| TTTAAGACCA (SEQ ID NO:226); | TTAAGACCAA (SEQ ID NO:227); |
| TAAGACCAAT (SEQ ID NO:228); | AAGACCAATG (SEQ ID NO:229); |
| AGACCAATGA (SEQ ID NO:230); | GACCAATGAC (SEQ ID NO:231); |
| ACCAATGACT (SEQ ID NO:232); | CCAATGACTT (SEQ ID NO:233); |
| CAATGACTTA (SEQ ID NO:234); | AATGACTTAC (SEQ ID NO:235); |
| ATGACTTACA (SEQ ID NO:236); | TGACTTACAA (SEQ ID NO:237); |
| GACTTACAAG (SEQ ID NO:238); | ACTTACAAGG (SEQ ID NO:239); |
| CTTACAAGGC (SEQ ID NO:240); | TTACAAGGCA (SEQ ID NO:241); |
| TACAAGGCAG (SEQ ID NO:242); | ACAAGGCAGC (SEQ ID NO:243); |
| CAAGGCAGCT (SEQ ID NO:244); | AAGGCAGCTG (SEQ ID NO:245); |
| AGGCAGCTGT (SEQ ID NO:246); | GCGAGCTGTA (SEQ ID NO:247); |
| GCAGCTGTAG (SEQ ID NO:248); | CGCTGTAGA (SEQ ID NO:249); |
| AGCTGTAGAT (SEQ ID NO:250); | GCTGTAGATC (SEQ ID NO:251); |
| CTGTAGATCT (SEQ ID NO:252); | TGTAGATCTT (SEQ ID NO:253); |
| GTAGATCTTA (SEQ ID NO:254); | TAGATCTTAG (SEQ ID NO:255); |
| AGATCTTAGC (SEQ ID NO:256); | GATCTTAGCC (SEQ ID NO:257); |
| ATCTTAGCCA (SEQ ID NO:258); | TCTTAGCCAC (SEQ ID NO:259); |
| CTTAGCCACT (SEQ ID NO:260); | TTCGCCACTT (SEQ ID NO:261); |
| TAGCCACTTT (SEQ ID NO:262); | AGGCACTTTT (SEQ ID NO:263); |
| GCCACTTTTT (SEQ ID NO:264); | CGACTTTTTA (SEQ ID NO:265); |
| CACTTTTTAA (SEQ ID NO:266); | ACTTTTTAAA (SEQ ID NO:267); |
| CTTTTTAAAA (SEQ ID NO:268); | TTTTTAAAG (SEQ ID NO:269); |
| TTTTAAAGA (SEQ ID NO:270); | TTTAAAGAA (SEQ ID NO:271); |
| TAAAAGAAA (SEQ ID NO:272); | TAAAGAAAA (SEQ ID NO:273); |
| AAAAGAAAAG (SEQ ID NO:274); | AAGAAAAGG (SEQ ID NO:275); |
| AAGAAAAGGG (SEQ ID NO:276); | AGAAAAGGGG (SEQ ID NO:277); |
| GAAAAGGGGG (SEQ ID NO:278); | AAAAGGGGGG (SEQ ID NO:279); |
| AAAGGGGGGA (SEQ ID NO:280); | AAGGGGGGAC (SEQ ID NO:281); |
| AGGGGGGACT (SEQ ID NO:282); | GGGGGGACTG (SEQ ID NO:283); |
| GGGGGACTGG (SEQ ID NO:284); | GCGGACTGGA (SEQ ID NO:285); |
| GGGACTGGAA (SEQ ID NO:286); | GGACTGGAAG (SEQ ID NO:287); |
| GACTGGAAGG (SEQ ID NO:288); | ACTGGAAGGG (SEQ ID NO:289); |
| CTGGAAGGGC (SEQ ID NO:290); | TGGAGGGCT (SEQ ID NO:291); |
| GGAAGGGCTA (SEQ ID NO:292); | GAGGGCTAA (SEQ ID NO:293); |
| AAGGGCTAAT (SEQ ID NO:294); | AGGGCTAATT (SEQ ID NO:295); |
| GGGCTAATTC (SEQ ID NO:296); | GGCTAATTCA (SEQ ID NO:297); |
| GCTAATTCAC (SEQ ID NO:298); | CTAATTCACT (SEQ ID NO:299); |

358
- 247 -

| | |
|------------------------------|------------------------------|
| TAATTCACCTC (SEQ ID NO:300); | AATTCACCTCC (SEQ ID NO:301); |
| ATTCACCTCCC (SEQ ID NO:302); | TTCACCTCCCA (SEQ ID NO:303); |
| TCACTCCCAA (SEQ ID NO:304); | CACTCCCAA (SEQ ID NO:305); |
| ACTCCCAAAG (SEQ ID NO:306); | CTCCCAAAGA (SEQ ID NO:307); |
| TCCCAAAGAA (SEQ ID NO:308); | CCCAAAGAAG (SEQ ID NO:309); |
| CCAAAGAAGA (SEQ ID NO:310); | CAAAGAAGAC (SEQ ID NO:311); |
| AAAGAAGACA (SEQ ID NO:312); | AAGAAGACAA (SEQ ID NO:313); |
| AGAAGACAAG (SEQ ID NO:314); | GAAGACAAGA (SEQ ID NO:315); |
| AAGACAAGAT (SEQ ID NO:316); | AGACAAGATA (SEQ ID NO:317); |
| GACAAGATAT (SEQ ID NO:318); | ACAAGATATC (SEQ ID NO:319); |
| CAAGATATCC (SEQ ID NO:320); | AAATATATCCT (SEQ ID NO:321); |
| AGATATCCTT (SEQ ID NO:322); | GATATCCTTG (SEQ ID NO:323); |
| ATATCCTTGA (SEQ ID NO:324); | TATCCTTGAT (SEQ ID NO:325); |
| ATCCTTGATC (SEQ ID NO:326); | TGCTTGATCT (SEQ ID NO:327); |
| CCTTGATCTG (SEQ ID NO:328); | CTTGATCTGT (SEQ ID NO:329); |
| TTGATCTGTG (SEQ ID NO:330); | TGATCTGTGG (SEQ ID NO:331); |
| GATCTGTGGA (SEQ ID NO:332); | ATCTGTGGAT (SEQ ID NO:333); |
| TCTGTGGATC (SEQ ID NO:334); | CTGTGGATCT (SEQ ID NO:335); |
| TGTGGATCTA (SEQ ID NO:336); | GTGGATCTAC (SEQ ID NO:337); |
| TGGATCTACC (SEQ ID NO:338); | GCTCTACCA (SEQ ID NO:339); |
| GATCTACCAC (SEQ ID NO:340); | ACTTACCACA (SEQ ID NO:341); |
| TCTACCACAC (SEQ ID NO:342); | CTTACCACAC (SEQ ID NO:343); |
| TACCACACAC (SEQ ID NO:344); | AGACACACAC (SEQ ID NO:345); |
| CCACACACAA (SEQ ID NO:346); | CACACACAAG (SEQ ID NO:347); |
| ACACACAAGG (SEQ ID NO:348); | CACACAAGGC (SEQ ID NO:349); |
| ACACAAGGCT (SEQ ID NO:350); | CACAAGGCTA (SEQ ID NO:351); |
| ACAAGGCTAC (SEQ ID NO:352); | CAAGGCTACT (SEQ ID NO:353); |
| AAGGCTACTT (SEQ ID NO:354); | AGGCTACTTC (SEQ ID NO:355); |
| GGCTACTTCC (SEQ ID NO:356); | GCTACTTOCC (SEQ ID NO:357); |
| CTACTTCCCT (SEQ ID NO:358); | TACTTCCCTG (SEQ ID NO:359); |
| ACTTCCCTGA (SEQ ID NO:360); | CTTCCCTGAT (SEQ ID NO:361); |
| TTCCCTGATT (SEQ ID NO:362); | TCCCTGATTG (SEQ ID NO:363); |
| CCCTGATTGG (SEQ ID NO:364); | CCTGATTGGC (SEQ ID NO:365); |
| CTGATTGGCA (SEQ ID NO:366); | TGATTGGCAG (SEQ ID NO:367); |
| GATTGGCAGA (SEQ ID NO:368); | ATTGGCAGAA (SEQ ID NO:369); |
| TTGGCAGAAC (SEQ ID NO:370); | TGGCAGAACT (SEQ ID NO:371); |
| GGCAGAACTA (SEQ ID NO:372); | GCAGAACTAC (SEQ ID NO:373); |
| CAGAACTACA (SEQ ID NO:374); | AGAACTACAC (SEQ ID NO:375); |

928604.gp.apr.95.HIV1.LS.248

859
-248-

GA~~ACT~~TACACA (SEQ ID NO:376); AACTACACAC (SEQ ID NO:377);
ACTACACACC (SEQ ID NO:378); CTACACACCA (SEQ ID NO:379);
TACACACCAG (SEQ ID NO:380); ACACACCAGG (SEQ ID NO:381);
CACACCAGGG (SEQ ID NO:382); ACACCAGGGC (SEQ ID NO:383);
CACCAGGGCC (SEQ ID NO:384); ACCAGGGCCA (SEQ ID NO:385);
CCAGGGCCAG (SEQ ID NO:386); CAGGGCCAGG (SEQ ID NO:387);
AGGGCCAGGG (SEQ ID NO:388); GGGCCAGGGG (SEQ ID NO:389);
GGCCAGGGGT (SEQ ID NO:390); GCCAGGGGTC (SEQ ID NO:391);
CCAGGGGTCA (SEQ ID NO:392); CAGGGGTCAG (SEQ ID NO:393);
AGGGGTCAGA (SEQ ID NO:394); GGGGTCAGAT (SEQ ID NO:395);
GGGTCAGATA (SEQ ID NO:396); GGTTCAGATAT (SEQ ID NO:397);
GTCAGATATC (SEQ ID NO:398); TCAGATATCC (SEQ ID NO:399);
CAGATATCCA (SEQ ID NO:400); AGATATCCAC (SEQ ID NO:401);
GATATCCACT (SEQ ID NO:402); ATATCCACTG (SEQ ID NO:403);
TATCCACTGA (SEQ ID NO:404); ATCCACTGAC (SEQ ID NO:405);
TCCACTGACC (SEQ ID NO:406); CCACTGACCT (SEQ ID NO:407);
CACTGACCTT (SEQ ID NO:408); ACTGACCTTT (SEQ ID NO:409);
CTGACCTTTG (SEQ ID NO:410); TGA~~CTTT~~GG (SEQ ID NO:411);
GACCTTTGGA (SEQ ID NO:412); AGCTTTGGAT (SEQ ID NO:413);
CCTTTGGATG (SEQ ID NO:414); CTTTGGATGG (SEQ ID NO:415);
TTTGGATGGT (SEQ ID NO:416); TTTGGATGGT (SEQ ID NO:417);
TGGATGGTGC (SEQ ID NO:418); GGTGGTGGCT (SEQ ID NO:419);
GATGGTGCTA (SEQ ID NO:420); ATGGTGCTAC (SEQ ID NO:421);
TGGTGCTACA (SEQ ID NO:422); GGTGCTACAA (SEQ ID NO:423);
GTGCTACAAG (SEQ ID NO:424); TGCTACAAGC (SEQ ID NO:425);
GCTACAAGCT (SEQ ID NO:426); CTACAAGCTA (SEQ ID NO:427);
TACAAGCTAG (SEQ ID NO:428); ACAAGCTAGT (SEQ ID NO:429);
CAAGCTAGTA (SEQ ID NO:430); AAGCTAGTAC (SEQ ID NO:431);
AGCTAGTACC (SEQ ID NO:432); GCTAGTACCA (SEQ ID NO:433);
CTAGTACCAG (SEQ ID NO:434); TAGTACCAGT (SEQ ID NO:435);
AGTACCAGTT (SEQ ID NO:436); GTACCAGTTG (SEQ ID NO:437);
TACCAGTTGA (SEQ ID NO:438); ACCAGTTGAG (SEQ ID NO:439);
CCAGTTGAGC (SEQ ID NO:440); CAGTTGAGCC (SEQ ID NO:441);
AGTTGAGCCA (SEQ ID NO:442); GTTGAGCCAG (SEQ ID NO:443);
TTGAGCCAGA (SEQ ID NO:444); TGAGCCAGAT (SEQ ID NO:445);
GAGCCAGATA (SEQ ID NO:446); AGCCAGATAA (SEQ ID NO:447);
GCCAGATAAG (SEQ ID NO:448); CCAGATAAGG (SEQ ID NO:449);
CAGATAAGGT (SEQ ID NO:450); AGATAAGGTA (SEQ ID NO:451);

000000-000000-000000

930604.ctp@hph.HV1.0.0.250

361
-250-

CTGAGAGAGA (SEQ ID NO:528); TGAGAGAGAA (SEQ ID NO:529);
GAGAGAGAAAG (SEQ ID NO:530); AGAGAGAAAGT (SEQ ID NO:531);
GAGAGAAAGTG (SEQ ID NO:532); AGAGAAAGTGT (SEQ ID NO:533);
GAGAAGTGTTT (SEQ ID NO:534); AGAAGTGTTA (SEQ ID NO:535);
GAAGTGTTAG (SEQ ID NO:536); AAGTGTTAGA (SEQ ID NO:537);
AGTGTTAGAG (SEQ ID NO:538); GTGTTAGAGT (SEQ ID NO:539);
TGTTAGAGTG (SEQ ID NO:540); OTTAGAGTGG (SEQ ID NO:541);
TTAGAGTGGA (SEQ ID NO:542); TAGAGTGGAG (SEQ ID NO:543);
AGAGTGGAGG (SEQ ID NO:544); GAGTGGAGGT (SEQ ID NO:545);
AGTGGAGGTT (SEQ ID NO:546); GTGGAGGTTT (SEQ ID NO:547);
TGGAGGTTTG (SEQ ID NO:548); GGAGGTTTGA (SEQ ID NO:549);
GAGGTTTGAC (SEQ ID NO:550); AGGTTTGACA (SEQ ID NO:551);
GGTTTGACAG (SEQ ID NO:552); GTTTGACAGC (SEQ ID NO:553);
TTTGACAGCC (SEQ ID NO:554); TTGACAGCCG (SEQ ID NO:555);
TGACAGCCGC (SEQ ID NO:556); GACAGCCGCC (SEQ ID NO:557);
ACAGCCGCCT (SEQ ID NO:558); CAGCCGCCTA (SEQ ID NO:559);
AGCCGCCTAG (SEQ ID NO:560); GCGCCCTAGC (SEQ ID NO:561);
CCGCCTAGCA (SEQ ID NO:562); CGCCTAGCAT (SEQ ID NO:563);
GCCTAGCATT (SEQ ID NO:564); CCTAGCATTT (SEQ ID NO:565);
CTAGCATTTT (SEQ ID NO:566); TAGCATTTC (SEQ ID NO:567);
AGCATTTTCAT (SEQ ID NO:568); GCATTTTCATC (SEQ ID NO:569);
CATTTTCATCA (SEQ ID NO:570); ATTTCATCAC (SEQ ID NO:571);
TTTCATCACG (SEQ ID NO:572); TTGATCACGT (SEQ ID NO:573);
TCATCACGTG (SEQ ID NO:574); CATCACGTGG (SEQ ID NO:575);
ATCACGTGGC (SEQ ID NO:576); TCAGGTGGCC (SEQ ID NO:577);
CACGTGGCCC (SEQ ID NO:578); AGGTGGCCCG (SEQ ID NO:579);
CGTGGCCCGA (SEQ ID NO:580); GTGGCCCGAG (SEQ ID NO:581);
TGGCCCGAGA (SEQ ID NO:582); GGGCCCGAGAG (SEQ ID NO:583);
GCCCGAGAGC (SEQ ID NO:584); CCGGAGAGCT (SEQ ID NO:585);
CCGAGAGCTG (SEQ ID NO:586); CGGAGAGCTGC (SEQ ID NO:587);
GAGAGCTGCA (SEQ ID NO:588); AGAGCTGCAT (SEQ ID NO:589);
GAGCTGCATC (SEQ ID NO:590); AGCTGCATCC (SEQ ID NO:591);
GCTGCATCCG (SEQ ID NO:592); CTGCATCCGG (SEQ ID NO:593);
TGCATCCGGA (SEQ ID NO:594); GCATCCGGAG (SEQ ID NO:595);
CATCCGGAGT (SEQ ID NO:596); ATCCGGAGTA (SEQ ID NO:597);
TCCGGAGTAC (SEQ ID NO:598); CCGGAGTACT (SEQ ID NO:599);
CGGAGTACTT (SEQ ID NO:600); GGAGTACTTC (SEQ ID NO:601);
GAGTACTTCA (SEQ ID NO:602); AGTACTTCAA (SEQ ID NO:603);

930604.ctp@hph.HV1.0.0.250

[illegible]

362
-251-

| | |
|-----------------------------|-----------------------------|
| GTACTTCAAG (SEQ ID NO:604); | TACTTCAAGA (SEQ ID NO:605); |
| ACTTCAAGAA (SEQ ID NO:606); | CTTCAAGAAC (SEQ ID NO:607); |
| TTCAAGAACT (SEQ ID NO:608); | TCAAGAACTG (SEQ ID NO:609); |
| CAAGAACTGC (SEQ ID NO:610); | AAGAACTGCT (SEQ ID NO:611); |
| AGAACTGCTG (SEQ ID NO:612); | GAACTGCTGA (SEQ ID NO:613); |

63. A method according to claim 57 wherein said deletion encompasses at least one of the following decanucleotides from the *nef* gene of HIV-1_{BR41}:

| | | | |
|------------|-----------------|------------|-----------------|
| ACCAGCTTGT | [SEQ ID NO:803] | CCAGCTTGT | [SEQ ID NO:804] |
| CAGCTTGTTA | [SEQ ID NO:805] | AGCTTGTAC | [SEQ ID NO:806] |
| GCTTGTTACA | [SEQ ID NO:807] | CTTGTTACAC | [SEQ ID NO:808] |
| TTGTTACACC | [SEQ ID NO:809] | TGTTACACCC | [SEQ ID NO:810] |
| GTTACACCCT | [SEQ ID NO:811] | TTACACCCTG | [SEQ ID NO:812] |
| TACACCCTGT | [SEQ ID NO:813] | ACACCCTGTG | [SEQ ID NO:814] |
| CACCCTGTGA | [SEQ ID NO:815] | ACCTGTGAG | [SEQ ID NO:816] |
| CCCTGTGAGC | [SEQ ID NO:817] | GCTGTGAGCC | [SEQ ID NO:818] |
| CTGTGAGCCT | [SEQ ID NO:819] | TGTGAGCCTG | [SEQ ID NO:820] |
| GTGAGCCTGC | [SEQ ID NO:821] | TGAGCCTGCA | [SEQ ID NO:822] |
| GAGCCTGCAT | [SEQ ID NO:823] | AGCCTGCATG | [SEQ ID NO:824] |
| GCCTGCATGG | [SEQ ID NO:825] | CCTGCATGGA | [SEQ ID NO:826] |
| CTGCATGGAA | [SEQ ID NO:827] | TGCATGGAAT | [SEQ ID NO:828] |
| GCATGGAATG | [SEQ ID NO:829] | CATGGAATGG | [SEQ ID NO:830] |
| ATGGAATGGA | [SEQ ID NO:831] | TGGAATGGAT | [SEQ ID NO:832] |
| GGAATGGATG | [SEQ ID NO:833] | GAATGGATGA | [SEQ ID NO:834] |
| AATGGATGAC | [SEQ ID NO:835] | ATGGATGACC | [SEQ ID NO:836] |
| TGGATGACCC | [SEQ ID NO:837] | GGATGACCCT | [SEQ ID NO:838] |
| GATGACCCTG | [SEQ ID NO:839] | ATGACCCTGA | [SEQ ID NO:840] |
| TGACCCTGAG | [SEQ ID NO:841] | | |

64. A method according to claim 57 wherein said deletion encompasses at least one of the following decanucleotides from the LTR region of HIV-1_{NL4-3}:

| | | | |
|-------------|------------------|-------------|------------------|
| GCTTTTGGCC | (SEQ ID NO:652); | CTTTTGCCT | (SEQ ID NO:653); |
| TTTTTGCCGTG | (SEQ ID NO:654); | TTTGCCCTGT | (SEQ ID NO:655); |
| TTGCGCTGTA | (SEQ ID NO:656); | TTGCGCTGTAC | (SEQ ID NO:657); |
| TGCGCTGTACT | (SEQ ID NO:658); | GCCTGTACTG | (SEQ ID NO:659); |
| CCTGTACTGG | (SEQ ID NO:660); | CTGTACTGGG | (SEQ ID NO:661); |
| TGTACTGGGT | (SEQ ID NO:662); | GTACTGGGTC | (SEQ ID NO:663); |

900661 Journal of the IAVU - 2003

364
-253-

| | | | |
|-------------|------------------|-------------|------------------|
| CAATAAAGCT | (SEQ ID NO:740); | AATAAAGCTT | (SEQ ID NO:741); |
| ATAAAGCTTG | (SEQ ID NO:742); | TAAAGCTTGC | (SEQ ID NO:743); |
| AAAGCTTGCC | (SEQ ID NO:744); | AAGCTTGCCCT | (SEQ ID NO:745); |
| AGCTTGCCCTT | (SEQ ID NO:746); | GCTTGCCCTTG | (SEQ ID NO:747); |
| CTTGCCCTTGA | (SEQ ID NO:748); | TGCCCTTGAG | (SEQ ID NO:749); |
| TGCCCTTGAGT | (SEQ ID NO:750); | GCCTTGAGTGG | (SEQ ID NO:751); |
| CCTTGAGTGC | (SEQ ID NO:752); | CTTGAGTGGCT | (SEQ ID NO:753); |
| TTGAGTGGCTT | (SEQ ID NO:754); | TGGTGGCTTC | (SEQ ID NO:755); |
| GAGTGGCTTCA | (SEQ ID NO:756); | AGTGGCTTCAA | (SEQ ID NO:757); |
| GTGGCTTCAAG | (SEQ ID NO:758); | TGGCTTCAAGT | (SEQ ID NO:759); |
| GCTTCAAGTA | (SEQ ID NO:760); | CTTCAAGTAG | (SEQ ID NO:761); |
| TTCAAGTAGT | (SEQ ID NO:762); | TCAAGTAGTG | (SEQ ID NO:763); |
| CAAGTAGTGT | (SEQ ID NO:764); | AAGTAGTGTG | (SEQ ID NO:765); |
| AGTAGTGTGT | (SEQ ID NO:766); | GAGTAGTGTG | (SEQ ID NO:767); |
| TAGTGTGTGC | (SEQ ID NO:768); | AGTGTGTGCC | (SEQ ID NO:769); |
| GTGTGTGCCC | (SEQ ID NO:770); | TGTGTGCCCG | (SEQ ID NO:771); |
| GTGTGCCCGT | (SEQ ID NO:772); | TGTGCCCGTC | (SEQ ID NO:773); |
| GTGCCCGTCT | (SEQ ID NO:774); | TGCCCGTCTG | (SEQ ID NO:775); |
| GCCCGTCTGT | (SEQ ID NO:776); | CCCGTCTGTT | (SEQ ID NO:777); |
| CCGTCTGTTG | (SEQ ID NO:778); | CGTCTGTTGT | (SEQ ID NO:779); |
| GTCTGTTGTG | (SEQ ID NO:780); | TCTGTTGTGT | (SEQ ID NO:781); |
| CTGTTGTGTG | (SEQ ID NO:782); | TGTTGTGTGA | (SEQ ID NO:783); |
| GTTGTGTGAC | (SEQ ID NO:784); | TTGTGTGACT | (SEQ ID NO:785); |
| TGTGTGACTC | (SEQ ID NO:786); | GTGTGACTCT | (SEQ ID NO:787); |
| TGTGTGACTC | (SEQ ID NO:788); | GTGTGACTCT | (SEQ ID NO:789); |
| TGTGACTCTG | (SEQ ID NO:790); | GTGACTCTGG | (SEQ ID NO:791); |
| TGACTCTGGT | (SEQ ID NO:792); | GACTCTGGTA | (SEQ ID NO:793); |
| ACTCTGGTAA | (SEQ ID NO:794); | CTCTGGTAAC | (SEQ ID NO:795); |
| TCTGGTAACT | (SEQ ID NO:796); | CTGGTAACTA | (SEQ ID NO:797); |
| TGGTAACTAG | (SEQ ID NO:798); | GGTAACTAGA | (SEQ ID NO:799); |

65. A method according to claim 49 wherein said HIV-1 isolate has the identifying characteristics of HIV-1 isolate ECACC Accession No. V94101706 or HIV-1 isolate Accession N. ECACC V941031169 or HIV-1 isolate ECACC Accession No. V95031022.

930606, p. 10, para 4, HQV I. U. 255

364
- 255 -

74. A method for obtaining a preparation of non-pathogenic HIV-1 from a biological sample, said method comprising co-culturing monocytes from said biological sample from an individual putatively infected with said non-pathogenic HIV-1 with HIV-1 seronegative donor PBMCs depleted for CD8+ cells, harvesting the monocytes and PBMCs and supernatant fluid every from about 5 to about 16 days and adding fresh medium with CD8+ depleted PBMCs with said fresh medium and isolating said virus from the supernatant fluid.

75. A method according to claim 74 wherein the seronegative PBMCs are pretreated with a cytokine for a time and under conditions sufficient to enhance HIV-1 replication.

76. A method according to claim 75 wherein the cytokine is M-CSF.

77. A method according to claim 74 or 75 or 76 wherein the HIV-1 seronegative donor PBMCs are first stimulated with PHA and/or IL-2.

78. A method according to claim 74 wherein the monocytes from a putative infected individual are also CD8+ depleted prior to coculturing with seronegative donor PBMCs.

79. A method according to claim 74 or 78 wherein the cocultured cells are subjected to UV irradiation.

80. A method for identifying or screening for compounds capable of reducing or otherwise interfering with HIV-1 replication, said method comprising contacting a compound to be tested with a cell or cell extract containing or capable of containing a *nef* gene product fused to a reporter molecule capable of giving an identifiable signal and screening for a compound which inhibits said signal.

81. A method according to claim 80 wherein the compound is an antibody to *ref* gene product or a part thereof.

950606, g:\report\gib\111

367
-256-

82. A method according to claim 80 wherein the compound is a DNA targeting agent and inhibits transcription of the *nef* gene.

83. A compound capable of inhibiting *nef* gene product function or *nef* gene transcription.

84. A compound capable of inhibiting *nef* gene product function or *nef* gene transcription identified according to the method of claim 80 or 81 or 82.

85. A therapeutic composition useful for inhibiting or reducing productive infection by a pathogenic strain of HIV-1 and/or for vaccinating an individual against the development of AIDS or AIDS-related diseases, said composition comprising a non-pathogenic strain of HIV-1 according to any one of claims 1 to 16 and one or more pharmaceutical acceptable carriers and/or diluents.

86. A therapeutic composition according to claim 85 wherein said HIV-1 isolate comprises genetic material that directs expression of antisense or ribozyme nucleotide sequences which inhibit production of one or more proteins encoded by a pathogenic strain of HIV-1.

87. A viral isolate which:

- (i) is genetically or immunologically related to a pathogenic strain of HIV-1;
- (ii) is substantially non-pathogenic in human subjects;
- (iii) comprises a first nucleotide sequence constituting its genome which is capable of hybridising under medium stringency conditions to SEQ ID NO: 1 or a complementary form thereof; and
- (iv) comprises a second nucleotide sequence within said first nucleotide sequence and which second nucleotide sequence directs expression of a mRNA molecule capable of inhibiting, reducing or otherwise down-regulating translation of a protein or polypeptide encoded by a pathogenic strain of HIV-1 or inhibit, reduce or otherwise down regulate operation of a non-protein encoding a region of a pathogenic strain of HIV-1.

367-050606-111

SUB
134)

950606,pt,opar,pt,HIV1,US,557

368
-257-

88. A viral isolate according to claim 87 wherein the targeted protein or polypeptide is selected from the list consisting of *gag* or *pol*.
89. A viral isolate according to claim 87 wherein the targeted protein or polypeptide is selected from the list consisting of *env* or *tat*.
90. A viral isolate according to claim 87 wherein the targeted protein or polypeptide is selected from the list consisting of *rev* or *vpr*.
91. A viral isolate according to claim 87 wherein the targeted protein or polypeptide is selected from the list consisting of *vpr*, *vif* or *nef*.
92. A viral isolate according to claim 87 wherein the targeted protein is *nef*.
93. A viral isolate according to claim 87 comprising a *nef* gene which substantially does not direct synthesis of amino acids 162 to 177 of Nef.
94. A method for determining the pathogenicity of an HIV-1 strain after said HIV-1 strain infects cells of an individual, said method comprising determining the presence of a deletion mutation in the genome of said HIV-1 wherein said deletion mutation results in said genome being unable to synthesize a polypeptide or protein from a pathogenic strain of HIV-1 or directing the synthesis of a truncated form of said polypeptide or protein wherein the presence of a such a mutation is indicative of the presence of a non-pathogenic strain of HIV-1.
95. A method according to claim 84 wherein said non-pathogenic HIV-1 carries a deletion in its genome of at least 10 nucleotides within the region from nucleotide 8787 to nucleotide 9709 using the nucleotide numbering of HIV-1_{ML43}.

09146783-1090788

930604, praportch, HIV1, 258

369
-258-

96. A method according to claim 94 wherein said non-pathogenic HIV-1 carries a deletion in its genome of at least 10 nucleotides from within a region selected from the list consisting of:

| | | |
|------------|-------|----------------|
| nucleotide | (i) | 8830-8862; |
| | (ii) | 9009-9035; |
| | (iii) | 9019-9029; and |
| | (iv) | 9033-9049. |

97. A method according to claim 94 wherein said non-pathogenic HIV-1 carries a deletion in its genome of at least 10 nucleotides from within a region selected from the list consisting of:

| | | |
|------------|--------|----------------|
| nucleotide | (v) | 9281-9371; |
| | (vi) | 9281-9362; |
| | (vii) | 9105-9224; and |
| | (viii) | 9271-9370. |

98. A method according to claim 94 wherein said non-pathogenic HIV-1 carries a deletion in its genome of at least 10 nucleotides from within a region selected from the list consisting of:

| | | |
|------------|-------|----------------|
| nucleotide | (ix) | 8882-8928; |
| | (x) | 8850-9006; |
| | (xi) | 8792-9041; and |
| | (xii) | 9112-9204. |

99. A method according to claim 94 wherein said non-pathogenic HIV-1 carries a deletion in its genome of at least 10 nucleotides from within a region selected from the list consisting of:

| | | |
|------------|--------|----------------|
| nucleotide | (xiii) | 9105-9224; |
| | (xiv) | 9389-9395; and |
| | (xv) | 9281-9366. |

SECRET - E3294T00

950404.g:spertq1.HIV1.US-559

370
-259-

100. A method according to claim 94 wherein said deletion encompasses at least one of the following decanucleotides from the *nef* gene of HIV-1_{ML43}:

| | |
|----------------------------|----------------------------|
| ATGGGTGGCA (SEQ ID NO:2); | TGGGTGGCAA (SEQ ID NO:3); |
| GGGTGGCAAG (SEQ ID NO:4); | GGTGGCAAGT (SEQ ID NO:5); |
| GTGGCAAGTG (SEQ ID NO:6); | TGGCAAGTGG (SEQ ID NO:7); |
| GGCAAGTGGT (SEQ ID NO:8); | GCAAGTGGTC (SEQ ID NO:9); |
| CAAGTGGTCA (SEQ ID NO:10); | AAGTGGTCAA (SEQ ID NO:11); |
| AGTGGTCAAA (SEQ ID NO:12); | GTGGTCAAAA (SEQ ID NO:13); |
| TGGTCAAAA (SEQ ID NO:14); | GGTCAAAAAG (SEQ ID NO:15); |
| GTCAAAAAGT (SEQ ID NO:16); | TCAAAAAGTA (SEQ ID NO:17); |
| CAAAAAGTAG (SEQ ID NO:18); | AAAAAGTAGT (SEQ ID NO:19); |
| AAAAGTAGTG (SEQ ID NO:20); | AAAGTAGTGT (SEQ ID NO:21); |
| AAGTAGTGTG (SEQ ID NO:22); | AGTAGTGTGA (SEQ ID NO:23); |
| GTAGTGTGAT (SEQ ID NO:24); | TAGTGTGATT (SEQ ID NO:25); |
| AGTGTGATTG (SEQ ID NO:26); | GTGTGATTGG (SEQ ID NO:27); |
| TGTGATTGGA (SEQ ID NO:28); | GTGATTGGAT (SEQ ID NO:29); |
| TGATTGGATG (SEQ ID NO:30); | GATTGGATGG (SEQ ID NO:31); |
| ATTGGATGGC (SEQ ID NO:32); | TTGGATGGCC (SEQ ID NO:33); |
| TGGATGGCCT (SEQ ID NO:34); | GGATGGCCTG (SEQ ID NO:35); |
| GATGGCCTGC (SEQ ID NO:36); | ATGGCCTGCT (SEQ ID NO:37); |
| TGGCCTGCTG (SEQ ID NO:38); | GGGCTGCTGT (SEQ ID NO:39); |
| GCCTGCTGTA (SEQ ID NO:40); | CCTGCTGTAA (SEQ ID NO:41); |
| CTGCTGTAAG (SEQ ID NO:42); | TGCTGTAAGG (SEQ ID NO:43); |
| GCTGTAAGGG (SEQ ID NO:44); | CTGTAAGGGA (SEQ ID NO:45); |
| TGTAAGGGAA (SEQ ID NO:46); | GTAAGGGAAA (SEQ ID NO:47); |
| TAAGGGAAAG (SEQ ID NO:48); | AAGGGAAAGA (SEQ ID NO:49); |
| AGGGAAAGAA (SEQ ID NO:50); | GGGAAAGAAT (SEQ ID NO:51); |
| GGAAAGAATG (SEQ ID NO:52); | GAAAGAATGA (SEQ ID NO:53); |
| AAAGAATGAG (SEQ ID NO:54); | AAGAATGAGA (SEQ ID NO:55); |
| AGAATGAGAC (SEQ ID NO:56); | GAATGAGACG (SEQ ID NO:57); |
| AATGAGACGA (SEQ ID NO:58); | ATGAGACGAG (SEQ ID NO:59); |
| TGAGACGAGC (SEQ ID NO:60); | GAGACGAGCT (SEQ ID NO:61); |
| AGACGAGCTG (SEQ ID NO:62); | GAGGAGCTGA (SEQ ID NO:63); |
| ACGAGCTGAG (SEQ ID NO:64); | CGAGCTGAGC (SEQ ID NO:65); |
| GAGCTGAGCC (SEQ ID NO:66); | AGCTGAGCCA (SEQ ID NO:67); |
| GCTGAGCCAG (SEQ ID NO:68); | CTGAGCCAGC (SEQ ID NO:69); |
| TGAGCCAGCA (SEQ ID NO:70); | GAGCCAGCAG (SEQ ID NO:71); |

00445703-000300

050606.g.capehgh.HIV1.USC250

371
-260-

AGCCAGCAGC (SEQ ID NO:72); GCCAGCAGCA (SEQ ID NO:73);
CCAGCAGCAG (SEQ ID NO:74); CAGCAGCAGA (SEQ ID NO:75);
AGCAGCAGAT (SEQ ID NO:76); GCAGCAGATG (SEQ ID NO:77);
CAGCAGATGG (SEQ ID NO:78); AGCAGATGGG (SEQ ID NO:79);
GCAGATGGGG (SEQ ID NO:80); CAGATGGGGT (SEQ ID NO:81);
AGATGGGGTG (SEQ ID NO:82); GATGGGGTGG (SEQ ID NO:83);
ATGGGGTGGG (SEQ ID NO:84); TGGGGTGGGA (SEQ ID NO:85);
GGGGTGGGAG (SEQ ID NO:86); GGGTGGGAGC (SEQ ID NO:87);
GGTGGGAGCA (SEQ ID NO:88); GTGGGAGCAG (SEQ ID NO:89);
TGGGAGCAGT (SEQ ID NO:90); GGGAGCAGTA (SEQ ID NO:91);
GGAGCAGTAT (SEQ ID NO:92); GAGCAGTATC (SEQ ID NO:93);
AGCAGTATCT (SEQ ID NO:94); GCAGTATCTC (SEQ ID NO:95);
CAGTATCTCG (SEQ ID NO:96); AGTATCTCGA (SEQ ID NO:97);
GTATCTCGAG (SEQ ID NO:98); TATCTCGAGA (SEQ ID NO:99);
ATCTCGAGAC (SEQ ID NO:100); TCTCGAGACC (SEQ ID NO:101);
CTCGAGACCT (SEQ ID NO:102); TOGAGACCTA (SEQ ID NO:103);
CGAGACCTAG (SEQ ID NO:104); GAGACCTAGA (SEQ ID NO:105);
AGACCTAGAA (SEQ ID NO:106); GAGCTAGAAA (SEQ ID NO:107);
ACCTAGAAAA (SEQ ID NO:108); CCTAGAAAAA (SEQ ID NO:109);
CTAGAAAAAC (SEQ ID NO:110); TAGAAAAACA (SEQ ID NO:111);
AGAAAAACAT (SEQ ID NO:112); GAAAAACATG (SEQ ID NO:113);
AAAAACATGG (SEQ ID NO:114); AAAACATGGA (SEQ ID NO:115);
AAACATGGAG (SEQ ID NO:116); AAGATGGAGC (SEQ ID NO:117);
ACATGGAGCA (SEQ ID NO:118); CATGGAGCAA (SEQ ID NO:119);
ATGGAGCAAT (SEQ ID NO:120); TGGAGCAATC (SEQ ID NO:121);
GGAGCAATCA (SEQ ID NO:122); GAGCAATCAC (SEQ ID NO:123);
AGCAATCACA (SEQ ID NO:124); GCAATCACAA (SEQ ID NO:125);
CAATCACAAG (SEQ ID NO:126); AATCACAAGT (SEQ ID NO:127);
ATCACAAGTA (SEQ ID NO:128); TCACAAGTAG (SEQ ID NO:129);
CACAAGTAGC (SEQ ID NO:130); ACAAGTAGCA (SEQ ID NO:131);
CAAGTAGCAA (SEQ ID NO:132); AAGTAGCAAT (SEQ ID NO:133);
AGTAGCAATA (SEQ ID NO:134); GTAGCAATAC (SEQ ID NO:135);
TAGCAATACA (SEQ ID NO:136); AGCAATACAG (SEQ ID NO:137);
GCAATACAGC (SEQ ID NO:138); CAATACAGCA (SEQ ID NO:139);
AATACAGCAG (SEQ ID NO:140); ATACAGCAGC (SEQ ID NO:141);
TACAGCAGCT (SEQ ID NO:142); ACAGCAGCTA (SEQ ID NO:143);
CAGCAGCTAA (SEQ ID NO:144); AGCAGCTAAC (SEQ ID NO:145);
GCAGCTAACA (SEQ ID NO:146); CAGCTAACAA (SEQ ID NO:147);

050606.g.capehgh.HIV1.USC250

95829A, paper tape, HIV1, USA, 261

372
-261-

AGCTAACAAT (SEQ ID NO:148); GCTAACAATG (SEQ ID NO:149);
CTAACAATGC (SEQ ID NO:150); TAACAATGCT (SEQ ID NO:151);
AACAATGCTG (SEQ ID NO:152); ACAATGCTGC (SEQ ID NO:153);
CAATGCTGCT (SEQ ID NO:154); AATGCTGCTT (SEQ ID NO:155);
ATGCTGCTTG (SEQ ID NO:156); TGCTGCTTGT (SEQ ID NO:157);
GCTGCTTGTG (SEQ ID NO:158); CTGCTTGTGC (SEQ ID NO:159);
TGCTTGTGCC (SEQ ID NO:160); GCTTGTGCCT (SEQ ID NO:161);
CTTGTGCCTG (SEQ ID NO:162); TTGTGCCTGG (SEQ ID NO:163);
TGTGCCTGGC (SEQ ID NO:164); GTGCCTGGCT (SEQ ID NO:165);
TGCCTGGCTA (SEQ ID NO:166); GCCTGGCTAG (SEQ ID NO:167);
CCTGGCTAGA (SEQ ID NO:168); CTGGCTAGAA (SEQ ID NO:169);
TGGCTAGAAG (SEQ ID NO:170); GGCTAGAAGC (SEQ ID NO:171);
GCTAGAAGCA (SEQ ID NO:172); CTAGAAGCAC (SEQ ID NO:173);
TAGAAGCACA (SEQ ID NO:174); AGAAGCACAA (SEQ ID NO:175);
GAAGCACAAG (SEQ ID NO:176); AACACAAGA (SEQ ID NO:177);
AGCACAAGAG (SEQ ID NO:178); GCACAAGAGG (SEQ ID NO:179);
CACAAAGAGG (SEQ ID NO:180); ACAAGAGGAG (SEQ ID NO:181);
CAAGAGGAGG (SEQ ID NO:182); AAGAGGAGGA (SEQ ID NO:183);
AGAGGAGGAA (SEQ ID NO:184); GAGGAGGAAG (SEQ ID NO:185);
AGGAGGAAGA (SEQ ID NO:186); GAGGGAAGAG (SEQ ID NO:187);
GAGGAAGAGG (SEQ ID NO:188); AGGAAGAGGT (SEQ ID NO:189);
GGAAGAGGTG (SEQ ID NO:190); GAAGAGGTGG (SEQ ID NO:191);
AAGAGGTGGG (SEQ ID NO:192); AGAGGTGGGT (SEQ ID NO:193);
GAGGTGGGTT (SEQ ID NO:194); AGGTGGGTTT (SEQ ID NO:195);
GGTGGGTTTT (SEQ ID NO:196); GTGGGTTTTT (SEQ ID NO:197);
TGGGTTTTCC (SEQ ID NO:198); GGTTTTTCCA (SEQ ID NO:199);
GGTTTTCCAG (SEQ ID NO:200); GTTTTTCCAGT (SEQ ID NO:201);
TTTTCCAGTC (SEQ ID NO:202); TTCCAGTCA (SEQ ID NO:203);
TTCCAGTCAC (SEQ ID NO:204); TCCAGTCACA (SEQ ID NO:205);
CCAGTCACAC (SEQ ID NO:206); CAGTCACACC (SEQ ID NO:207);
AGTCACACCT (SEQ ID NO:208); GTCACACCTC (SEQ ID NO:209);
TCACACCTCA (SEQ ID NO:210); CACACCTCAG (SEQ ID NO:211);
ACACCTCAGG (SEQ ID NO:212); CACCTCAGGT (SEQ ID NO:213);
ACCTCAGGTA (SEQ ID NO:214); CCTCAGGTAC (SEQ ID NO:215);
CTCAGGTACC (SEQ ID NO:216); TCAGGTACCT (SEQ ID NO:217);
CAGGTACCTT (SEQ ID NO:218); AGGTACCTTT (SEQ ID NO:219);
GGTACCTTTA (SEQ ID NO:220); GTACCTTTAA (SEQ ID NO:221);
TACCTTTAAG (SEQ ID NO:222); ACCTTTAAGA (SEQ ID NO:223);

001457-00000000

950606, 1st Quarter, HIV I, USA, 202

373
-262-

| | |
|-----------------------------|-----------------------------|
| CCTTTAAGAC (SEQ ID NO:224); | CTTTAAGACC (SEQ ID NO:225); |
| TTTAAGACCA (SEQ ID NO:226); | TTAAGACCAA (SEQ ID NO:227); |
| TAAGACCAAT (SEQ ID NO:228); | AAGACCAATG (SEQ ID NO:229); |
| AGACCAATGA (SEQ ID NO:230); | GACCAATGAC (SEQ ID NO:231); |
| ACCAATGACT (SEQ ID NO:232); | CCNATGACTT (SEQ ID NO:233); |
| CAATGACTTA (SEQ ID NO:234); | AATGACTTAC (SEQ ID NO:235); |
| ATGACTTACA (SEQ ID NO:236); | TGACTTACAA (SEQ ID NO:237); |
| GACTTACAAG (SEQ ID NO:238); | ACTTACAAGG (SEQ ID NO:239); |
| CTTACAAGGC (SEQ ID NO:240); | TTACAAGGCA (SEQ ID NO:241); |
| TACAAGGCAG (SEQ ID NO:242); | ACAAGGCAGC (SEQ ID NO:243); |
| CAAGGCAGCT (SEQ ID NO:244); | AAGGCAGCTG (SEQ ID NO:245); |
| AGGCAGCTGT (SEQ ID NO:246); | GGCAGCTGTA (SEQ ID NO:247); |
| GCAGCTGTAG (SEQ ID NO:248); | CAGCTGTAGA (SEQ ID NO:249); |
| AGCTGTAGAT (SEQ ID NO:250); | GCTGTAGATC (SEQ ID NO:251); |
| CTGTAGATCT (SEQ ID NO:252); | TGTAGATCTT (SEQ ID NO:253); |
| GTAGATCTTA (SEQ ID NO:254); | TAGATCTTAG (SEQ ID NO:255); |
| AGATCTTAGC (SEQ ID NO:256); | GATCTTAGCC (SEQ ID NO:257); |
| ATCTTAGCCA (SEQ ID NO:258); | TCTTAGCCAC (SEQ ID NO:259); |
| CTTAGCCACT (SEQ ID NO:260); | TTAGCCACTT (SEQ ID NO:261); |
| TAGCCACTTT (SEQ ID NO:262); | AGCCACTTTT (SEQ ID NO:263); |
| GCCACTTTTT (SEQ ID NO:264); | CCACTTTTTA (SEQ ID NO:265); |
| CACTTTTTAA (SEQ ID NO:266); | ACTTTTTAAA (SEQ ID NO:267); |
| CTTTTTAAAA (SEQ ID NO:268); | TTTTTAAAG (SEQ ID NO:269); |
| TTTTAAAGA (SEQ ID NO:270); | TTTAAAGAA (SEQ ID NO:271); |
| TTAAAGAAA (SEQ ID NO:272); | TAAAGAAAA (SEQ ID NO:273); |
| AAAAGAAAAG (SEQ ID NO:274); | AAAGAAAAGG (SEQ ID NO:275); |
| AAGAAAAGGG (SEQ ID NO:276); | AGAAAAGGGG (SEQ ID NO:277); |
| GAAAAGGGGG (SEQ ID NO:278); | AAAGGGGGGG (SEQ ID NO:279); |
| AAAGGGGGGA (SEQ ID NO:280); | AAGGGGGGAC (SEQ ID NO:281); |
| AGGGGGGACT (SEQ ID NO:282); | GCGGGGACTG (SEQ ID NO:283); |
| GGGGGACTGG (SEQ ID NO:284); | GCGGACTGGA (SEQ ID NO:285); |
| GGGACTGGAA (SEQ ID NO:286); | GGACTGGAAG (SEQ ID NO:287); |
| GACTGGAAGG (SEQ ID NO:288); | ACTGGAAGGG (SEQ ID NO:289); |
| CTGGAAGGGC (SEQ ID NO:290); | TGGAAGGGCT (SEQ ID NO:291); |
| GGAAGGGCTA (SEQ ID NO:292); | GAAGGGCTAA (SEQ ID NO:293); |
| AAGGGCTAAT (SEQ ID NO:294); | AGGGCTAATT (SEQ ID NO:295); |
| GGGCTAATTC (SEQ ID NO:296); | GGCTAATTCA (SEQ ID NO:297); |
| GCTAATTCAC (SEQ ID NO:298); | CTAATTCACT (SEQ ID NO:299); |

09-1678

950606, get on the BTU 131A 263

374
- 263 -

| | |
|------------------------------|------------------------------|
| TAATTCACCTC (SEQ ID NO:300); | AATTCACCTCC (SEQ ID NO:301); |
| ATTCACCTCCC (SEQ ID NO:302); | TTCACCTCCCA (SEQ ID NO:303); |
| TCACTCCCAA (SEQ ID NO:304); | CACTCCCAA (SEQ ID NO:305); |
| ACTCCCAAAG (SEQ ID NO:306); | CTCCCAAAGA (SEQ ID NO:307); |
| TCCCAAAGAA (SEQ ID NO:308); | CCCAAAGAAG (SEQ ID NO:309); |
| CCAAAGAAGA (SEQ ID NO:310); | CAAGAAGAC (SEQ ID NO:311); |
| AAAGAAGACA (SEQ ID NO:312); | AAGAAGACAA (SEQ ID NO:313); |
| AGAAGACAAG (SEQ ID NO:314); | GAAGACAAGA (SEQ ID NO:315); |
| AAGACAAGAT (SEQ ID NO:316); | AGACAAGATA (SEQ ID NO:317); |
| GACAAGATAT (SEQ ID NO:318); | ACAAGATATC (SEQ ID NO:319); |
| CAAGATATCC (SEQ ID NO:320); | AAGATATCCT (SEQ ID NO:321); |
| AGATATCCTT (SEQ ID NO:322); | GATATCCTTG (SEQ ID NO:323); |
| ATATCCTTGA (SEQ ID NO:324); | TATCCTTGAT (SEQ ID NO:325); |
| ATCCTTGATC (SEQ ID NO:326); | TCCTTGATCT (SEQ ID NO:327); |
| CCTTGATCTG (SEQ ID NO:328); | CTTGATCTGT (SEQ ID NO:329); |
| TTGATCTGTG (SEQ ID NO:330); | TGATCTGTGG (SEQ ID NO:331); |
| GATCTGTGGA (SEQ ID NO:332); | ATGTGTGGAT (SEQ ID NO:333); |
| TCTGTGGATC (SEQ ID NO:334); | CTGTGGATCT (SEQ ID NO:335); |
| TGTGGATCTA (SEQ ID NO:336); | GTGGATCTAC (SEQ ID NO:337); |
| TGGATCTACC (SEQ ID NO:338); | GGATCTACCA (SEQ ID NO:339); |
| GATCTACCAC (SEQ ID NO:340); | ATCTACCACA (SEQ ID NO:341); |
| TCTACCACAC (SEQ ID NO:342); | CTACCACACA (SEQ ID NO:343); |
| TACCACACAC (SEQ ID NO:344); | ACCACACACA (SEQ ID NO:345); |
| CCACACACAA (SEQ ID NO:346); | CACACACAAG (SEQ ID NO:347); |
| ACACACAAGG (SEQ ID NO:348); | CACACAAGGC (SEQ ID NO:349); |
| ACACAAGGCT (SEQ ID NO:350); | CACAAGGCTA (SEQ ID NO:351); |
| ACAAGGCTAC (SEQ ID NO:352); | CAAGGCTACT (SEQ ID NO:353); |
| AAGGCTACTT (SEQ ID NO:354); | AGGCTACTTC (SEQ ID NO:355); |
| GGCTACTTCC (SEQ ID NO:356); | GCTACTTCCC (SEQ ID NO:357); |
| CTACTTCCCT (SEQ ID NO:358); | TACTTCCCTG (SEQ ID NO:359); |
| ACTTCCCTGA (SEQ ID NO:360); | CTTCCCTGAT (SEQ ID NO:361); |
| TTCCCTGATT (SEQ ID NO:362); | TCCCTGATTG (SEQ ID NO:363); |
| CCCTGATTGG (SEQ ID NO:364); | CCTGATTGGC (SEQ ID NO:365); |
| CTGATTGGCA (SEQ ID NO:366); | TGATTGGCAG (SEQ ID NO:367); |
| GATTGGCAGA (SEQ ID NO:368); | ATTGGCAGAA (SEQ ID NO:369); |
| TTGGCAGAAC (SEQ ID NO:370); | TGGCAGAACT (SEQ ID NO:371); |
| GGCAGAACTA (SEQ ID NO:372); | GCAGAACTAC (SEQ ID NO:373); |
| CAGAACTACA (SEQ ID NO:374); | AGAACTACAC (SEQ ID NO:375); |

950606 ZNYCZVH HIVLUSA 264

$$\begin{array}{r} 375 \\ - 264 \\ \hline \end{array}$$

| | |
|-----------------------------|------------------------------|
| GAATACACA (SEQ ID NO:376); | AACTACACAC (SEQ ID NO:377); |
| ACTACACACC (SEQ ID NO:378); | CTACACACCA (SEQ ID NO:379); |
| TACACACCAG (SEQ ID NO:380); | ACACACCAGG (SEQ ID NO:381); |
| CACACCAGGG (SEQ ID NO:382); | ACACCAGGGC (SEQ ID NO:383); |
| CACCAGGGCC (SEQ ID NO:384); | ACCAGGGCCA (SEQ ID NO:385); |
| CCAGGGCCAG (SEQ ID NO:386); | CAGGGCCAGG (SEQ ID NO:387); |
| AGGGCCAGGG (SEQ ID NO:388); | GGGCCAGGGG (SEQ ID NO:389); |
| GGCCAGGGGT (SEQ ID NO:390); | GCCAGGGGTC (SEQ ID NO:391); |
| CCAGGGGTCA (SEQ ID NO:392); | CAGGGGTCAg (SEQ ID NO:393); |
| AGGGGTCAGA (SEQ ID NO:394); | GGGGTCAGAT (SEQ ID NO:395); |
| GGGTCAGATA (SEQ ID NO:396); | GGTTCAGATAT (SEQ ID NO:397); |
| GTCAGATATC (SEQ ID NO:398); | TCAGATATCC (SEQ ID NO:399); |
| CAGATATCCA (SEQ ID NO:400); | AGATATCCAC (SEQ ID NO:401); |
| GATATCCACT (SEQ ID NO:402); | ATATCCACTG (SEQ ID NO:403); |
| TATCCACTGA (SEQ ID NO:404); | ATCCACTGAC (SEQ ID NO:405); |
| TCCACTGACC (SEQ ID NO:406); | CCACTGACCT (SEQ ID NO:407); |
| CACTGACCTT (SEQ ID NO:408); | ACTGACCTTT (SEQ ID NO:409); |
| CTGACCTTTG (SEQ ID NO:410); | TGACCTTTGG (SEQ ID NO:411); |
| GACCTTTGGA (SEQ ID NO:412); | ACCTTTGGAT (SEQ ID NO:413); |
| CCTTTGGATG (SEQ ID NO:414); | CTTTGGATGG (SEQ ID NO:415); |
| TTTGGATGGT (SEQ ID NO:416); | TTGGATGGTG (SEQ ID NO:417); |
| TGGATGGTGC (SEQ ID NO:418); | GGATGGTGCT (SEQ ID NO:419); |
| GATGGTGCTA (SEQ ID NO:420); | ATGGTGCTAC (SEQ ID NO:421); |
| TGGTGCTACA (SEQ ID NO:422); | GGTGCTACAA (SEQ ID NO:423); |
| GTGCTACAAG (SEQ ID NO:424); | TGCTACAAGC (SEQ ID NO:425); |
| GCTACAAGCT (SEQ ID NO:426); | CTACAAGCTA (SEQ ID NO:427); |
| TACAAGCTAG (SEQ ID NO:428); | ACAAGCTAGT (SEQ ID NO:429); |
| CAAGCTAGTA (SEQ ID NO:430); | AAGCTAGTAC (SEQ ID NO:431); |
| AGCTAGTACC (SEQ ID NO:432); | GCTAGTACCA (SEQ ID NO:433); |
| CTAGTACCAG (SEQ ID NO:434); | TAGTACCAGT (SEQ ID NO:435); |
| AGTACCAGTT (SEQ ID NO:436); | GTACCAGTTG (SEQ ID NO:437); |
| TACCAGTTGA (SEQ ID NO:438); | ACCAGTTGAG (SEQ ID NO:439); |
| CCAGTTGAGC (SEQ ID NO:440); | CAGTTGAGCC (SEQ ID NO:441); |
| AGTTGAGCCA (SEQ ID NO:442); | GTTGAGCCAG (SEQ ID NO:443); |
| TTGAGCCAGA (SEQ ID NO:444); | TGAGCCAGAT (SEQ ID NO:445); |
| GAGCCAGATA (SEQ ID NO:446); | AGCCAGATAA (SEQ ID NO:447); |
| GCCAGATAAG (SEQ ID NO:448); | CCAGATAAGG (SEQ ID NO:449); |
| CAGATAAGGT (SEQ ID NO:450); | AGATAAGGTA (SEQ ID NO:451); |

000004.gtagatg.25

374
-265-

GATAAGGTAG (SEQ ID NO:452); ATAAGGTAGA (SEQ ID NO:453);
TAAGGTAGAA (SEQ ID NO:454); AAGGTAGAAAG (SEQ ID NO:455);
AGGTAGAAGA (SEQ ID NO:456); GGTAGAAGAG (SEQ ID NO:457);
GTAGAAGAGG (SEQ ID NO:458); TAGAAGAGGC (SEQ ID NO:459);
AGAAGAGGCC (SEQ ID NO:460); GAAGAGGCCA (SEQ ID NO:461);
AAGAGGCCAA (SEQ ID NO:462); AGAGGCCAAT (SEQ ID NO:463);
GAGGCCAATA (SEQ ID NO:464); AGGCCAATAA (SEQ ID NO:465);
GGCCAATAAA (SEQ ID NO:466); GCCAATAAAG (SEQ ID NO:467);
CCAATAAAGG (SEQ ID NO:468); CAATAAAGGA (SEQ ID NO:469);
AATAAAGGAG (SEQ ID NO:470); ATAAAGGAGA (SEQ ID NO:471);
TAAAGGAGAG (SEQ ID NO:472); AAAGGAGAGA (SEQ ID NO:473);
AAGGAGAGAA (SEQ ID NO:474); AGGAGAGAAC (SEQ ID NO:475);
GGAGAGAACAA (SEQ ID NO:476); GAGAGAACAC (SEQ ID NO:477);
AGAGAACACC (SEQ ID NO:478); GAGAACACCA (SEQ ID NO:479);
AGAACACCAG (SEQ ID NO:480); GAACACCAGC (SEQ ID NO:481);
AACACCAGCT (SEQ ID NO:482); ACACCAGCTT (SEQ ID NO:483);
CACCAGCTTG (SEQ ID NO:484); ACCAGCTTGT (SEQ ID NO:485);
CCAGCTTGTT (SEQ ID NO:486); CAGCTTGTTA (SEQ ID NO:487);
AGCTTGTTAC (SEQ ID NO:488); GCTTGTTACA (SEQ ID NO:489);
CTTGTTACAC (SEQ ID NO:490); TTGTTACACC (SEQ ID NO:491);
TGTTACACCC (SEQ ID NO:492); GTTACACCCT (SEQ ID NO:493);
TTACACCCTG (SEQ ID NO:494); TACACCCTGT (SEQ ID NO:495);
ACACCCTGTG (SEQ ID NO:496); CACCCTGTGA (SEQ ID NO:497);
ACCCTGTGAG (SEQ ID NO:498); CCCTGTGAGC (SEQ ID NO:499);
CCTGTGAGCC (SEQ ID NO:500); CTGTGAGCCT (SEQ ID NO:501);
TGTGAGCCTG (SEQ ID NO:502); GTGAGCCTGC (SEQ ID NO:503);
TGAGCCTGCA (SEQ ID NO:504); GAGCCTGCAT (SEQ ID NO:505);
AGCCTGCATG (SEQ ID NO:506); GCCTGCATGG (SEQ ID NO:507);
CCTGCATGGA (SEQ ID NO:508); CTGCATGGAA (SEQ ID NO:509);
TGCATGGAAT (SEQ ID NO:510); GCATGGAATG (SEQ ID NO:511);
CATGGAATGG (SEQ ID NO:512); ATGGAATGGA (SEQ ID NO:513);
TGGAATGGAT (SEQ ID NO:514); GGAATGGATG (SEQ ID NO:515);
GAATGGATGA (SEQ ID NO:516); AATGGATGAC (SEQ ID NO:517);
ATGGATGACC (SEQ ID NO:518); TGGATGACCC (SEQ ID NO:519);
GGATGACCCT (SEQ ID NO:520); GATGACCCTG (SEQ ID NO:521);
ATGACCCTGA (SEQ ID NO:522); TGACCCTGAG (SEQ ID NO:523);
GACCCTGAGA (SEQ ID NO:524); ACCCTGAGAG (SEQ ID NO:525);
CCCTGAGAGA (SEQ ID NO:526); CCTGAGAGAG (SEQ ID NO:527);

00146783-000399

030604g14per14JHVLUSA

377
-266-

CTGAGAGAGA (SEQ ID NO:528); TGAGAGAGAA (SEQ ID NO:529);
GAGAGAGAAG (SEQ ID NO:530); AGAGAGAAGT (SEQ ID NO:531);
GAGAGAAGTG (SEQ ID NO:532); AGAGAAGTGT (SEQ ID NO:533);
GAGAAGTGTT (SEQ ID NO:534); AGAAGTGTTA (SEQ ID NO:535);
GAAGTGTTAG (SEQ ID NO:536); AAGTGTTAGA (SEQ ID NO:537);
AGTGTTAGAG (SEQ ID NO:538); GTGTTAGAGT (SEQ ID NO:539);
TGTTAGAGTG (SEQ ID NO:540); GTTAGAGTGG (SEQ ID NO:541);
TTAGAGTGGG (SEQ ID NO:542); TAGAGTGGAG (SEQ ID NO:543);
AGAGTGGAGG (SEQ ID NO:544); GAGTGGAGGT (SEQ ID NO:545);
AGTGGAGGTT (SEQ ID NO:546); GTGGAGGTTT (SEQ ID NO:547);
TGGAGGTTTG (SEQ ID NO:548); GGAGGTTTGA (SEQ ID NO:549);
GAGGTTTGAC (SEQ ID NO:550); AGGTTTGACA (SEQ ID NO:551);
GGTTTGACAG (SEQ ID NO:552); GTTTGACAGC (SEQ ID NO:553);
TTTGACAGCC (SEQ ID NO:554); TTGACAGCCG (SEQ ID NO:555);
TGACAGCCGC (SEQ ID NO:556); GACAGCCGCC (SEQ ID NO:557);
ACAGCCGCCT (SEQ ID NO:558); CAGCCGCCTA (SEQ ID NO:559);
AGCCGCCTAG (SEQ ID NO:560); GCGCCCTAGC (SEQ ID NO:561);
CGCCCTAGCA (SEQ ID NO:562); CGCCTAGCAT (SEQ ID NO:563);
GCCTAGCATT (SEQ ID NO:564); CGTAGCATTT (SEQ ID NO:565);
CTAGCATTTC (SEQ ID NO:566); TAGCATTTCA (SEQ ID NO:567);
AGCATTTCAT (SEQ ID NO:568); GCATTTCATC (SEQ ID NO:569);
CATTTCATCA (SEQ ID NO:570); ATTTCATCAC (SEQ ID NO:571);
TTTCATCACG (SEQ ID NO:572); TTCATCACGT (SEQ ID NO:573);
TCATCACGTG (SEQ ID NO:574); CATCACGTGG (SEQ ID NO:575);
ATCACGTGGC (SEQ ID NO:576); TCAAGTGGCC (SEQ ID NO:577);
CACGTGGCCC (SEQ ID NO:578); AGGTGGCCCC (SEQ ID NO:579);
CGTGGCCCCG (SEQ ID NO:580); GTGGCCCCGAG (SEQ ID NO:581);
TGGCCCCGAG (SEQ ID NO:582); GCCCCGAGAG (SEQ ID NO:583);
GCCCCGAGAGC (SEQ ID NO:584); CCGGAGAGCT (SEQ ID NO:585);
CCGAGAGCTG (SEQ ID NO:586); CGAGAGCTGC (SEQ ID NO:587);
GAGAGCTGCA (SEQ ID NO:588); AGAGCTGCAT (SEQ ID NO:589);
GAGCTGCATC (SEQ ID NO:590); AGCTGCATCC (SEQ ID NO:591);
GCTGCATCCG (SEQ ID NO:592); CTGCATCCGG (SEQ ID NO:593);
TGCATCCGGA (SEQ ID NO:594); GCATCCGGAG (SEQ ID NO:595);
CATCCGGAGT (SEQ ID NO:596); ATCCGGAGTA (SEQ ID NO:597);
TCCGGAGTAC (SEQ ID NO:598); CCGGAGTACT (SEQ ID NO:599);
CGGAGTACTT (SEQ ID NO:600); GGAGTACTTC (SEQ ID NO:601);
GAGTACTTCA (SEQ ID NO:602); AGTACTTCAA (SEQ ID NO:603);

000000-000000-000000

950606,ptepotq,HIV1.US,267

378
-267-

GTACTTCAAG (SEQ ID NO:604); TACTTCAAGA (SEQ ID NO:605);
 ACTTCAAGAA (SEQ ID NO:606); CTTCAAGAAC (SEQ ID NO:607);
 TTCAAGAACT (SEQ ID NO:608); TCAAGAACTG (SEQ ID NO:609);
 CAAGAACTGC (SEQ ID NO:610); AAGAACTGCT (SEQ ID NO:611);
 AGAACTGCTG (SEQ ID NO:612); GAACTGCTGA (SEQ ID NO:613).

101. A method according to claim 94 wherein said deletion encompasses at least one of the following decanucleotides from the *nef* gene of HIV-1_{NL43}:

ACCAGCTTGT (SEQ ID NO:803) CCAGCTTGTT (SEQ ID NO:804)
 CAGCTTGTTA (SEQ ID NO:805) AGCTTGTTAC (SEQ ID NO:806)
 GCTTGTTACA (SEQ ID NO:807) CTTGTTACAC (SEQ ID NO:808)
 TTGTTACACC (SEQ ID NO:809) TGTACACCC (SEQ ID NO:810)
 GTTACACCCT (SEQ ID NO:811) TTACACCCTG (SEQ ID NO:812)
 TACACCCTGT (SEQ ID NO:813) ACACCCTGTG (SEQ ID NO:814)
 CACCCTGTGA (SEQ ID NO:815) AACCCTGTGAG (SEQ ID NO:816)
 CCCTGTGAGC (SEQ ID NO:817) CCTGTGAGCC (SEQ ID NO:818)
 CTGTGAGCCT (SEQ ID NO:819) TGTGAGCCTG (SEQ ID NO:820)
 GTGAGCCTGC (SEQ ID NO:821) TGAGCCTGCA (SEQ ID NO:822)
 GAGCCTGCAT (SEQ ID NO:823) AGCCTGCATG (SEQ ID NO:824)
 GCCTGCATGG (SEQ ID NO:825) CCTGCATGGA (SEQ ID NO:826)
 CTGCATGGAA (SEQ ID NO:827) TGCATGGAAT (SEQ ID NO:828)
 GCATGGAATG (SEQ ID NO:829) CATGGAATGG (SEQ ID NO:830)
 ATGGAATGGA (SEQ ID NO:831) TGAATGGAT (SEQ ID NO:832)
 GGAATGGATG (SEQ ID NO:833) GAATGGATGA (SEQ ID NO:834)
 AATGGATGAC (SEQ ID NO:835) ATGGATGACC (SEQ ID NO:836)
 TGGATGACCC (SEQ ID NO:837) GGATGACCCT (SEQ ID NO:838)
 GATGACCCTG (SEQ ID NO:839) ATGACCCTGA (SEQ ID NO:840)
 TGACCCTGAG (SEQ ID NO:841)

102. A method according to claim 94 wherein said deletion encompasses at least one of the following decanucleotides from the LTR region of HIV-1_{NL43}:

GCTTTTGGCC (SEQ ID NO:652); CTTTTTGCCT (SEQ ID NO:653);
 TTTTGGCCTG (SEQ ID NO:654); TTTTGCCTGT (SEQ ID NO:655);
 TTTGCCTGTA (SEQ ID NO:656); TTGCCTGTAC (SEQ ID NO:657);
 TGCCCTGTACT (SEQ ID NO:658); GCCTGTACTG (SEQ ID NO:659);
 CCTGTACTGG (SEQ ID NO:660); CTGTACTGGG (SEQ ID NO:661);
 TGTACTGGGT (SEQ ID NO:662); GTACTGGGTC (SEQ ID NO:663);

09146783-090209

958606, *gag/pol/tat*, HIV1, USA_269

380
- 269 -

| | | | |
|-------------|-------------------|-------------|-------------------|
| CAATAAAGCTT | (SEQ ID NO: 740); | AATAAAGCTT | (SEQ ID NO: 741); |
| ATAAAGCTTG | (SEQ ID NO: 742); | TAAAGCTTGC | (SEQ ID NO: 743); |
| AAAGCTTGCC | (SEQ ID NO: 744); | AAGCTTGCCT | (SEQ ID NO: 745); |
| AGCTTGCCCT | (SEQ ID NO: 746); | GCTTGCCCTG | (SEQ ID NO: 747); |
| CTTGCCCTGA | (SEQ ID NO: 748); | TTGCCCTGAG | (SEQ ID NO: 749); |
| TGCCCTTGAGT | (SEQ ID NO: 750); | GCCTTGAGTG | (SEQ ID NO: 751); |
| CCTTGAGTGCT | (SEQ ID NO: 752); | CTTGAGTGCT | (SEQ ID NO: 753); |
| TTGAGTGCTT | (SEQ ID NO: 754); | TGAGTGCTTC | (SEQ ID NO: 755); |
| GAGTGCTTCA | (SEQ ID NO: 756); | AGTGCTTCAA | (SEQ ID NO: 757); |
| GTGCTTCAAG | (SEQ ID NO: 758); | TGCTTCAAGT | (SEQ ID NO: 759); |
| GCTTCAAGTA | (SEQ ID NO: 760); | CTTCAAGTAG | (SEQ ID NO: 761); |
| TTCAAGTAGT | (SEQ ID NO: 762); | TCAAGTAGTG | (SEQ ID NO: 763); |
| CAAGTAGTGT | (SEQ ID NO: 764); | AAGTAGTGTG | (SEQ ID NO: 765); |
| AGTAGTGTGT | (SEQ ID NO: 766); | GTAGTGTGTG | (SEQ ID NO: 767); |
| TAGTGTGTGC | (SEQ ID NO: 768); | AGTGTGTGCC | (SEQ ID NO: 769); |
| GTGTGTGCCC | (SEQ ID NO: 770); | TGTGTGCCCC | (SEQ ID NO: 771); |
| GTGTGCCCCG | (SEQ ID NO: 772); | TGTGCCCCGC | (SEQ ID NO: 773); |
| GTGCCCCGTCT | (SEQ ID NO: 774); | TGCCCCGTCTG | (SEQ ID NO: 775); |
| GCCCCGTCTGT | (SEQ ID NO: 776); | CCCGTCTGTT | (SEQ ID NO: 777); |
| CCGTCTGTTG | (SEQ ID NO: 778); | CGTGTGTTGT | (SEQ ID NO: 779); |
| GTCTGTTGTG | (SEQ ID NO: 780); | TCTGTTGTGT | (SEQ ID NO: 781); |
| CTGTTGTGTG | (SEQ ID NO: 782); | TGTTGTGTGA | (SEQ ID NO: 783); |
| GTTGTGTGAC | (SEQ ID NO: 784); | TTGTGTGACT | (SEQ ID NO: 785); |
| TGTGTGACTC | (SEQ ID NO: 786); | GTGTGACTCT | (SEQ ID NO: 787); |
| TGTGTGACTC | (SEQ ID NO: 788); | GTGTGACTCT | (SEQ ID NO: 789); |
| TGTGACTCTG | (SEQ ID NO: 790); | GTGACTCTGG | (SEQ ID NO: 791); |
| TGACTCTGGT | (SEQ ID NO: 792); | GACTCTGOTA | (SEQ ID NO: 793); |
| ACTCTGGTAA | (SEQ ID NO: 794); | CTCTGGTAAC | (SEQ ID NO: 795); |
| TCTGGTAACT | (SEQ ID NO: 796); | CTGGTAACTA | (SEQ ID NO: 797); |
| TGGTAACTAG | (SEQ ID NO: 798); | GGTAACTAGA | (SEQ ID NO: 799). |

103. A method for determining the pathogenicity of an HIV-1 strain after said HIV-1 strain infects cells of an individual, said method comprising determining the presence of a deletion mutation in its genome of at least 10 nucleotides within the region from nucleotide 8787 to nucleotide 9709 using the nucleotide numbering of HIV-1_{NL43} wherein the presence of said deletion mutation is indicative of the presence of a non-pathogenic strain of HIV-1.

930606, p. 1 of 1, HIV1.USA.170

381
-270-

104. A method according to claim 99 wherein said non-pathogenic HIV-1 carries a deletion in its genome of at least 10 nucleotides from within a region selected from the list consisting of:

| | | |
|------------|-------|----------------|
| nucleotide | (i) | 8830-8862; |
| | (ii) | 9009-9035; |
| | (iii) | 9019-9029; and |
| | (iv) | 9033-9049. |

105. A method according to claim 99 wherein said non-pathogenic HIV-1 carries a deletion in its genome of at least 10 nucleotides from within a region selected from the list consisting of:

| | | |
|------------|--------|----------------|
| nucleotide | (v) | 9281-9371; |
| | (vi) | 9281-9362; |
| | (vii) | 9105-9224; and |
| | (viii) | 9271-9370. |

106. A method according to claim 99 wherein said non-pathogenic HIV-1 carries a deletion in its genome of at least 10 nucleotides from within a region selected from the list consisting of:

| | | |
|------------|-------|----------------|
| nucleotide | (ix) | 8882-8928; |
| | (x) | 8850-9006; |
| | (xi) | 8792-9041; and |
| | (xii) | 9112-9204. |

107. A method according to claim 99 wherein said non-pathogenic HIV-1 carries a deletion in its genome of at least 10 nucleotides from within a region selected from the list consisting of:

| | | |
|------------|--------|----------------|
| nucleotide | (xiii) | 9105-9224; |
| | (xiv) | 9389-9395; and |
| | (xv) | 9281-9366. |

0014670-09038

058604, g4, report 1, HIV1, USA, 271

382
-271-

108. A method according to claim 99 wherein said deletion encompasses at least one of the following decanucleotides from the *nef* gene of HIV-1_{LA3}:

| | |
|----------------------------|-----------------------------|
| ATGGGTGGCA (SEQ ID NO:2); | TGGGTGGCAA (SEQ ID NO:3); |
| GGGTGGCAAG (SEQ ID NO:4); | GGTGGCAAGT (SEQ ID NO:5); |
| GTGGCAAGTG (SEQ ID NO:6); | TGGCAAGTGG (SEQ ID NO:7); |
| GGCAAGTGGT (SEQ ID NO:8); | GCAAGTGGTC (SEQ ID NO:9); |
| CAAGTGGTCA (SEQ ID NO:10); | AAGTGGTCAA (SEQ ID NO:11); |
| AGTGGTCAAA (SEQ ID NO:12); | GTTGGTCAAAA (SEQ ID NO:13); |
| TGGTCAAAAA (SEQ ID NO:14); | GTTCAAAAAG (SEQ ID NO:15); |
| GTCAAAAAGT (SEQ ID NO:16); | TCAAAAAGTA (SEQ ID NO:17); |
| CAAAAAGTAG (SEQ ID NO:18); | AAAAAGTAGT (SEQ ID NO:19); |
| AAAAAGTAGT (SEQ ID NO:20); | AAGTAGTGT (SEQ ID NO:21); |
| AAGTAGTGTG (SEQ ID NO:22); | AGTAGTGTGA (SEQ ID NO:23); |
| GTAGTGTGAT (SEQ ID NO:24); | TAGTGTGATT (SEQ ID NO:25); |
| AGTGTGATTG (SEQ ID NO:26); | GTGTGATTGG (SEQ ID NO:27); |
| TGTGATTGGA (SEQ ID NO:28); | GTGATTGGAT (SEQ ID NO:29); |
| TGATTGGATG (SEQ ID NO:30); | GATFGGATGG (SEQ ID NO:31); |
| ATTGGATGGC (SEQ ID NO:32); | TTGGATGGCC (SEQ ID NO:33); |
| TGGATGGCCT (SEQ ID NO:34); | GGATGGCCTG (SEQ ID NO:35); |
| GATGGCCTGC (SEQ ID NO:36); | ATGGCCTGCT (SEQ ID NO:37); |
| TGGCCTGCTG (SEQ ID NO:38); | GGCCTGCTGT (SEQ ID NO:39); |
| GCCTGCTGTA (SEQ ID NO:40); | CCTGCTGTAA (SEQ ID NO:41); |
| CTGCTGTAAG (SEQ ID NO:42); | TCTGTAAGG (SEQ ID NO:43); |
| GCTGTAAGGG (SEQ ID NO:44); | CTGTAAGGGA (SEQ ID NO:45); |
| TGTAAGGGAA (SEQ ID NO:46); | GTAAGGGAAA (SEQ ID NO:47); |
| TAAGGGAAAG (SEQ ID NO:48); | AAGGGAAAGA (SEQ ID NO:49); |
| AGGGAAAGAA (SEQ ID NO:50); | GAGAAAGAAT (SEQ ID NO:51); |
| GGAAAGAATG (SEQ ID NO:52); | GAAAGAATGA (SEQ ID NO:53); |
| AAAGAATGAG (SEQ ID NO:54); | AAGAATGAGA (SEQ ID NO:55); |
| AGAATGAGAC (SEQ ID NO:56); | GAATGAGACG (SEQ ID NO:57); |
| AATGAGACGA (SEQ ID NO:58); | ATGAGACGAG (SEQ ID NO:59); |
| TGAGACGAGC (SEQ ID NO:60); | GAGACGAGCT (SEQ ID NO:61); |
| AGACGAGCTG (SEQ ID NO:62); | GACGAGCTGA (SEQ ID NO:63); |
| ACGAGCTGAG (SEQ ID NO:64); | CGAGCTGAGC (SEQ ID NO:65); |
| GAGCTGAGCC (SEQ ID NO:66); | AGCTGAGCCA (SEQ ID NO:67); |
| GCTGAGCCAG (SEQ ID NO:68); | CTGAGCCAGC (SEQ ID NO:69); |

0914573-00099

93806, p. 1 of 1, HIV1.USA.372

383
-272-

04458500-ES/ST60

| | |
|-----------------------------|-----------------------------|
| TGAGCCAGCA (SEQ ID NO:70); | GAGCCAGCAG (SEQ ID NO:71); |
| AGCCAGCAGC (SEQ ID NO:72); | GCCAGCAGCA (SEQ ID NO:73); |
| CCAGCAGCAG (SEQ ID NO:74); | CAGCAGCAGA (SEQ ID NO:75); |
| AGCAGCAGAT (SEQ ID NO:76); | GCAGCAGATG (SEQ ID NO:77); |
| CAGCAGATGG (SEQ ID NO:78); | AGCAGATGGG (SEQ ID NO:79); |
| GCAGATGGGG (SEQ ID NO:80); | CAGATGGGGT (SEQ ID NO:81); |
| AGATGGGGTG (SEQ ID NO:82); | GATGGGGTGG (SEQ ID NO:83); |
| ATGGGGTGGG (SEQ ID NO:84); | TGGGGTGGGA (SEQ ID NO:85); |
| GGGGTGGGAG (SEQ ID NO:86); | GGGTGGGAGC (SEQ ID NO:87); |
| GGTGGGAGCA (SEQ ID NO:88); | GTGGGAGCAG (SEQ ID NO:89); |
| TGGGAGCAGT (SEQ ID NO:90); | GGGAGCAGTA (SEQ ID NO:91); |
| GGAGCAGTAT (SEQ ID NO:92); | GAGCAGTATC (SEQ ID NO:93); |
| AGCAGTATCT (SEQ ID NO:94); | GCAGTATCTC (SEQ ID NO:95); |
| CAGTATCTCG (SEQ ID NO:96); | AGTATCTCGA (SEQ ID NO:97); |
| GTATCTCGAG (SEQ ID NO:98); | TATCTCGAGA (SEQ ID NO:99); |
| ATCTCGAGAC (SEQ ID NO:100); | TCTCGAGACC (SEQ ID NO:101); |
| CTCGAGACCT (SEQ ID NO:102); | TCGAGACCTA (SEQ ID NO:103); |
| CGAGACCTAG (SEQ ID NO:104); | GAGACCTAGA (SEQ ID NO:105); |
| AGACCTAGAA (SEQ ID NO:106); | GAGCTAGAAA (SEQ ID NO:107); |
| ACCTAGAAAA (SEQ ID NO:108); | CCTAGAAAAA (SEQ ID NO:109); |
| CTAGAAAAAC (SEQ ID NO:110); | TAGAAAAACA (SEQ ID NO:111); |
| AGAAAAACAT (SEQ ID NO:112); | GAAAAACATG (SEQ ID NO:113); |
| AAAAACATGG (SEQ ID NO:114); | AAAACATGGA (SEQ ID NO:115); |
| AAACATGGAG (SEQ ID NO:116); | AACATGGAGC (SEQ ID NO:117); |
| ACATGGAGCA (SEQ ID NO:118); | CATGGAGCAA (SEQ ID NO:119); |
| ATGGAGCAAT (SEQ ID NO:120); | TGGAGCAATC (SEQ ID NO:121); |
| GGAGCAATCA (SEQ ID NO:122); | GAGCAATCAC (SEQ ID NO:123); |
| AGCAATCACA (SEQ ID NO:124); | GCAATCACAA (SEQ ID NO:125); |
| CAATCACAAG (SEQ ID NO:126); | AATCACAAGT (SEQ ID NO:127); |
| ATCACAAGTA (SEQ ID NO:128); | TCACAAGTAG (SEQ ID NO:129); |
| CACAAGTAGC (SEQ ID NO:130); | ACAAGTAGCA (SEQ ID NO:131); |
| CAAGTAGCAA (SEQ ID NO:132); | AAGTAGCAAT (SEQ ID NO:133); |
| AGTAGCAATA (SEQ ID NO:134); | GTAGCAATAC (SEQ ID NO:135); |
| TAGCAATACA (SEQ ID NO:136); | AGCAATACAG (SEQ ID NO:137); |
| GCAATACAGC (SEQ ID NO:138); | CAATACAGCA (SEQ ID NO:139); |
| AATACAGCAG (SEQ ID NO:140); | ATACAGCAGC (SEQ ID NO:141); |
| TACAGCAGCT (SEQ ID NO:142); | ACAGCAGCTA (SEQ ID NO:143); |
| CAGCAGCTAA (SEQ ID NO:144); | AGCAGCTAAC (SEQ ID NO:145); |

250604, 250604, HIV1, USA, 274

385
-274-

TACCTTTAAG (SEQ ID NO:222); ACCTTTAAGA (SEQ ID NO:223);
CCTTTAAGAC (SEQ ID NO:224); CTTTAAGACC (SEQ ID NO:225);
TTTAAGACCA (SEQ ID NO:226); TTAAGACCAA (SEQ ID NO:227);
TAAGACCAAT (SEQ ID NO:228); AAGACCAATG (SEQ ID NO:229);
AGACCAATGA (SEQ ID NO:230); GACCAATGAC (SEQ ID NO:231);
ACCAATGACT (SEQ ID NO:232); CCAATGACTT (SEQ ID NO:233);
CAATGACTTA (SEQ ID NO:234); AATGACTTAC (SEQ ID NO:235);
ATGACTTACA (SEQ ID NO:236); TGACTTACAA (SEQ ID NO:237);
GACTTACAAG (SEQ ID NO:238); ACTTACAAGG (SEQ ID NO:239);
CTTACAAGGC (SEQ ID NO:240); TTACAAGGCA (SEQ ID NO:241);
TACAAGGCAG (SEQ ID NO:242); ACAAGGCAGC (SEQ ID NO:243);
CAAGGCAGCT (SEQ ID NO:244); AAGGCAGCTG (SEQ ID NO:245);
AGGCAGCTGT (SEQ ID NO:246); GGCAGCTGTA (SEQ ID NO:247);
GCAGCTGTAG (SEQ ID NO:248); CAGCTGTAGA (SEQ ID NO:249);
AGCTGTAGAT (SEQ ID NO:250); GCTGTAGATC (SEQ ID NO:251);
CTGTAGATCT (SEQ ID NO:252); TGTAGATCTT (SEQ ID NO:253);
GTAGATCTTA (SEQ ID NO:254); TAGATCTTAG (SEQ ID NO:255);
AGATCTTAGC (SEQ ID NO:256); GATCTTAGCC (SEQ ID NO:257);
ATCTTAGCCA (SEQ ID NO:258); TCTTAGCCAC (SEQ ID NO:259);
CTTAGCCACT (SEQ ID NO:260); TTAGCCACTT (SEQ ID NO:261);
TAGCCACTTT (SEQ ID NO:262); AGCCACTTTT (SEQ ID NO:263);
GCCACTTTTT (SEQ ID NO:264); CCACTTTTTA (SEQ ID NO:265);
CACTTTTTTA (SEQ ID NO:266); ACTTTTTTAA (SEQ ID NO:267);
CTTTTTTAAA (SEQ ID NO:268); TTTTTTAAAG (SEQ ID NO:269);
TTTTTAAAGA (SEQ ID NO:270); TTTTAAAGAA (SEQ ID NO:271);
TTAAAGAAA (SEQ ID NO:272); TAAAGAAAA (SEQ ID NO:273);
AAAAGAAAAG (SEQ ID NO:274); AAAGAAAAGG (SEQ ID NO:275);
AAGAAAAGGG (SEQ ID NO:276); AGAAAAGGGG (SEQ ID NO:277);
GAAAAGGGGG (SEQ ID NO:278); AAAAGGGGGG (SEQ ID NO:279);
AAAGGGGGGA (SEQ ID NO:280); AAGGGGGGAC (SEQ ID NO:281);
AGGGGGGACT (SEQ ID NO:282); GGGGGGACTG (SEQ ID NO:283);
GGGGGACTGG (SEQ ID NO:284); GGGGACTGGA (SEQ ID NO:285);
GGGACTGGAA (SEQ ID NO:286); GGACTGGGAAG (SEQ ID NO:287);
GACTGGGAAGG (SEQ ID NO:288); ACTGGAAGGG (SEQ ID NO:289);
CTGGAAGGGC (SEQ ID NO:290); TGGGAAGGGCT (SEQ ID NO:291);
GGAAGGGCTA (SEQ ID NO:292); GAAGGGCTAA (SEQ ID NO:293);
AAGGGCTAAT (SEQ ID NO:294); AGGGCTAATT (SEQ ID NO:295);
GGGCTAATTC (SEQ ID NO:296); GGCTAATTCA (SEQ ID NO:297);

00146783-090200

930606, p. 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 81, 82, 83, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99, 100, 101, 102, 103, 104, 105, 106, 107, 108, 109, 110, 111, 112, 113, 114, 115, 116, 117, 118, 119, 120, 121, 122, 123, 124, 125, 126, 127, 128, 129, 130, 131, 132, 133, 134, 135, 136, 137, 138, 139, 140, 141, 142, 143, 144, 145, 146, 147, 148, 149, 150, 151, 152, 153, 154, 155, 156, 157, 158, 159, 160, 161, 162, 163, 164, 165, 166, 167, 168, 169, 170, 171, 172, 173, 174, 175, 176, 177, 178, 179, 180, 181, 182, 183, 184, 185, 186, 187, 188, 189, 190, 191, 192, 193, 194, 195, 196, 197, 198, 199, 200, 201, 202, 203, 204, 205, 206, 207, 208, 209, 210, 211, 212, 213, 214, 215, 216, 217, 218, 219, 220, 221, 222, 223, 224, 225, 226, 227, 228, 229, 230, 231, 232, 233, 234, 235, 236, 237, 238, 239, 240, 241, 242, 243, 244, 245, 246, 247, 248, 249, 250, 251, 252, 253, 254, 255, 256, 257, 258, 259, 260, 261, 262, 263, 264, 265, 266, 267, 268, 269, 270, 271, 272, 273, 274, 275, 276, 277, 278, 279, 280, 281, 282, 283, 284, 285, 286, 287, 288, 289, 290, 291, 292, 293, 294, 295, 296, 297, 298, 299, 300, 301, 302, 303, 304, 305, 306, 307, 308, 309, 310, 311, 312, 313, 314, 315, 316, 317, 318, 319, 320, 321, 322, 323, 324, 325, 326, 327, 328, 329, 330, 331, 332, 333, 334, 335, 336, 337, 338, 339, 340, 341, 342, 343, 344, 345, 346, 347, 348, 349, 350, 351, 352, 353, 354, 355, 356, 357, 358, 359, 360, 361, 362, 363, 364, 365, 366, 367, 368, 369, 370, 371, 372, 373, 374, 375, 376, 377, 378, 379, 380, 381, 382, 383, 384, 385, 386, 387, 388, 389, 390, 391, 392, 393, 394, 395, 396, 397, 398, 399, 400, 401, 402, 403, 404, 405, 406, 407, 408, 409, 410, 411, 412, 413, 414, 415, 416, 417, 418, 419, 420, 421, 422, 423, 424, 425, 426, 427, 428, 429, 430, 431, 432, 433, 434, 435, 436, 437, 438, 439, 440, 441, 442, 443, 444, 445, 446, 447, 448, 449, 450, 451, 452, 453, 454, 455, 456, 457, 458, 459, 460, 461, 462, 463, 464, 465, 466, 467, 468, 469, 470, 471, 472, 473, 474, 475, 476, 477, 478, 479, 480, 481, 482, 483, 484, 485, 486, 487, 488, 489, 490, 491, 492, 493, 494, 495, 496, 497, 498, 499, 500, 501, 502, 503, 504, 505, 506, 507, 508, 509, 510, 511, 512, 513, 514, 515, 516, 517, 518, 519, 520, 521, 522, 523, 524, 525, 526, 527, 528, 529, 530, 531, 532, 533, 534, 535, 536, 537, 538, 539, 540, 541, 542, 543, 544, 545, 546, 547, 548, 549, 550, 551, 552, 553, 554, 555, 556, 557, 558, 559, 560, 561, 562, 563, 564, 565, 566, 567, 568, 569, 570, 571, 572, 573, 574, 575, 576, 577, 578, 579, 580, 581, 582, 583, 584, 585, 586, 587, 588, 589, 590, 591, 592, 593, 594, 595, 596, 597, 598, 599, 600, 601, 602, 603, 604, 605, 606, 607, 608, 609, 610, 611, 612, 613, 614, 615, 616, 617, 618, 619, 620, 621, 622, 623, 624, 625, 626, 627, 628, 629, 630, 631, 632, 633, 634, 635, 636, 637, 638, 639, 640, 641, 642, 643, 644, 645, 646, 647, 648, 649, 650, 651, 652, 653, 654, 655, 656, 657, 658, 659, 660, 661, 662, 663, 664, 665, 666, 667, 668, 669, 670, 671, 672, 673, 674, 675, 676, 677, 678, 679, 680, 681, 682, 683, 684, 685, 686, 687, 688, 689, 690, 691, 692, 693, 694, 695, 696, 697, 698, 699, 700, 701, 702, 703, 704, 705, 706, 707, 708, 709, 710, 711, 712, 713, 714, 715, 716, 717, 718, 719, 720, 721, 722, 723, 724, 725, 726, 727, 728, 729, 730, 731, 732, 733, 734, 735, 736, 737, 738, 739, 740, 741, 742, 743, 744, 745, 746, 747, 748, 749, 750, 751, 752, 753, 754, 755, 756, 757, 758, 759, 760, 761, 762, 763, 764, 765, 766, 767, 768, 769, 770, 771, 772, 773, 774, 775, 776, 777, 778, 779, 780, 781, 782, 783, 784, 785, 786, 787, 788, 789, 790, 791, 792, 793, 794, 795, 796, 797, 798, 799, 800, 801, 802, 803, 804, 805, 806, 807, 808, 809, 810, 811, 812, 813, 814, 815, 816, 817, 818, 819, 820, 821, 822, 823, 824, 825, 826, 827, 828, 829, 830, 831, 832, 833, 834, 835, 836, 837, 838, 839, 840, 841, 842, 843, 844, 845, 846, 847, 848, 849, 850, 851, 852, 853, 854, 855, 856, 857, 858, 859, 860, 861, 862, 863, 864, 865, 866, 867, 868, 869, 870, 871, 872, 873, 874, 875, 876, 877, 878, 879, 880, 881, 882, 883, 884, 885, 886, 887, 888, 889, 890, 891, 892, 893, 894, 895, 896, 897, 898, 899, 900, 901, 902, 903, 904, 905, 906, 907, 908, 909, 910, 911, 912, 913, 914, 915, 916, 917, 918, 919, 920, 921, 922, 923, 924, 925, 926, 927, 928, 929, 930, 931, 932, 933, 934, 935, 936, 937, 938, 939, 940, 941, 942, 943, 944, 945, 946, 947, 948, 949, 950, 951, 952, 953, 954, 955, 956, 957, 958, 959, 960, 961, 962, 963, 964, 965, 966, 967, 968, 969, 970, 971, 972, 973, 974, 975, 976, 977, 978, 979, 980, 981, 982, 983, 984, 985, 986, 987, 988, 989, 990, 991, 992, 993, 994, 995, 996, 997, 998, 999, 1000, 1001, 1002, 1003, 1004, 1005, 1006, 1007, 1008, 1009, 1010, 1011, 1012, 1013, 1014, 1015, 1016, 1017, 1018, 1019, 1020, 1021, 1022, 1023, 1024, 1025, 1026, 1027, 1028, 1029, 1030, 1031, 1032, 1033, 1034, 1035, 1036, 1037, 1038, 1039, 1040, 1041, 1042, 1043, 1044, 1045, 1046, 1047, 1048, 1049, 1050, 1051, 1052, 1053, 1054, 1055, 1056, 1057, 1058, 1059, 1060, 1061, 1062, 1063, 1064, 1065, 1066, 1067, 1068, 1069, 1070, 1071, 1072, 1073, 1074, 1075, 1076, 1077, 1078, 1079, 1080, 1081, 1082, 1083, 1084, 1085, 1086, 1087, 1088, 1089, 1090, 1091, 1092, 1093, 1094, 1095, 1096, 1097, 1098, 1099, 1100, 1101, 1102, 1103, 1104, 1105, 1106, 1107, 1108, 1109, 1110, 1111, 1112, 1113, 1114, 1115, 1116, 1117, 1118, 1119, 1120, 1121, 1122, 1123, 1124, 1125, 1126, 1127, 1128, 1129, 1130, 1131, 1132, 1133, 1134, 1135, 1136, 1137, 1138, 1139, 1140, 1141, 1142, 1143, 1144, 1145, 1146, 1147, 1148, 1149, 1150, 1151, 1152, 1153, 1154, 1155, 1156, 1157, 1158, 1159, 1160, 1161, 1162, 1163, 1164, 1165, 1166, 1167, 1168, 1169, 1170, 1171, 1172, 1173, 1174, 1175, 1176, 1177, 1178, 1179, 1180, 1181, 1182, 1183, 1184, 1185, 1186, 1187, 1188, 1189, 1190, 1191, 1192, 1193, 1194, 1195, 1196, 1197, 1198, 1199, 1200, 1201, 1202, 1203, 1204, 1205, 1206, 1207, 1208, 1209, 1210, 1211, 1212, 1213, 1214, 1215, 1216, 1217, 1218, 1219, 1220, 1221, 1222, 1223, 1224, 1225, 1226, 1227, 1228, 1229, 1230, 1231, 1232, 1233, 1234, 1235, 1236, 1237, 1238, 1239, 1240, 1241, 1242, 1243, 1244, 1245, 1246, 1247, 1248, 1249, 1250, 1251, 1252, 1253, 1254, 1255, 1256, 1257, 1258, 1259, 1260, 1261, 1262, 1263, 1264, 1265, 1266, 1267, 1268, 1269, 1270, 1271, 1272, 1273, 1274, 1275, 1276, 1277, 1278, 1279, 1280, 1281, 1282, 1283, 1284, 1285, 1286, 1287, 1288, 1289, 1290, 1291, 1292, 1293, 1294, 1295, 1296, 1297, 1298, 1299, 1300, 1301, 1302, 1303, 1304, 1305, 1306, 1307, 1308, 1309, 1310, 1311, 1312, 1313, 1314, 1315, 1316, 1317, 1318, 1319, 1320, 1321, 1322, 1323, 1324, 1325, 1326, 1327, 1328, 1329, 1330, 1331, 1332, 1333, 1334, 1335, 1336, 1337, 1338, 1339, 1340, 1341, 1342, 1343, 1344, 1345, 1346, 1347, 1348, 1349, 1350, 1351, 1352, 1353, 1354, 1355, 1356, 1357, 1358, 1359, 1360, 1361, 1362, 1363, 1364, 1365, 1366, 1367, 1368, 1369, 1370, 1371, 1372, 1373, 1374, 1375, 1376, 1377, 1378, 1379, 1380, 1381, 1382, 1383, 1384, 1385, 1386, 1387, 1388, 1389, 1390, 1391, 1392, 1393, 1394, 1395, 1396, 1397, 1398, 1399, 1400, 1401, 1402, 1403, 1404, 1405, 1406, 1407, 1408, 1409, 1410, 1411, 1412, 1413, 1414, 1415, 1416, 1417, 1418, 1419, 1420, 1421, 1422, 1423, 1424, 1425, 1426, 1427, 1428, 1429, 1430, 1431, 1432, 1433, 1434, 1435, 1436, 1437, 1438, 1439, 1440, 1441, 1442, 1443, 1444, 1445, 1446, 1447, 1448, 1449, 1450, 1451, 1452, 1453, 1454, 1455, 1456, 1457, 1458, 1459, 1460, 1461, 1462, 1463, 1464, 1465, 1466, 1467, 1468, 1469, 1470, 1471, 1472, 1473, 1474, 1475, 1476, 1477, 1478, 1479, 1480, 1481, 1482, 1483, 1484, 1485, 1486, 1487, 1488, 1489, 1490, 1491, 1492, 1493, 1494, 1495, 1496, 1497, 1498, 1499, 1500, 1501, 1502, 1503, 1504, 1505, 1506, 1507, 1508, 1509, 1510, 1511, 1512, 1513, 1514, 1515, 1516, 1517, 1518, 1519, 1520, 1521, 1522, 1523, 1524, 1525, 1526, 1527, 1528, 1529, 1530, 1531, 1532, 1533, 1534, 1535, 1536, 1537, 1538, 1539, 1540, 1541, 1542, 1543, 1544, 1545, 1546, 1547, 1548, 1549, 1550, 1551, 1552, 1553, 1554, 1555, 1556, 1557, 1558, 1559, 1560, 1561, 1562, 1563, 1564, 1565, 1566, 1567, 1568, 1569, 1570, 1571, 1572, 1573, 1574, 1575, 1576, 1577, 1578, 1579, 1580, 1581, 1582, 1583, 1584, 1585, 1586, 1587, 1588, 1589, 1590, 1591, 1592, 1593, 1594, 1595, 1596, 1597, 1598, 1599, 1600, 1601, 1602, 1603, 1604, 1605, 1606, 1607, 1608, 1609, 1610, 1611, 1612, 1613, 1614, 1615, 1616, 1617, 1618, 1619, 1620, 1621, 1622, 1623, 1624, 1625, 1626, 1627, 1628, 1629, 1630, 1631, 1632, 1633, 1634, 1635, 1636, 1637, 1638, 1639, 1640, 1641, 1642, 1643, 1644, 1645, 1646, 1647, 1648, 1649, 1650, 1651, 1652, 1653, 1654, 1655, 1656, 1657, 1658, 1659, 1660, 1661, 1662, 1663, 1664, 1665, 1666, 1667, 1668, 1669, 1670, 1671, 1672, 1673, 1674, 1675, 1676, 1677, 1678, 1679, 1680, 1681, 1682, 1683, 1684, 1685, 1686, 1687, 1688, 1689, 1690, 1691, 1692, 1693, 1694, 1695, 1696, 1697, 1698, 1699, 1700, 1701, 1702, 1703, 1704, 1705, 1706, 1707, 1708, 1709, 1710, 1711, 1712, 1713, 1714, 1715, 1716, 1717, 1718, 1719, 1720, 1721, 1722, 1723, 1724, 1725, 1726, 1727, 1728, 1729, 1730, 1731, 1732, 1733, 1734, 1735, 1736, 1737, 1738, 1739, 1740, 1741, 1742, 1743, 1744, 1745, 1746, 1747, 1748, 1749, 1750, 1751, 1752, 1753, 1754, 1755, 1756, 1757, 1758, 1759, 1760, 1761, 1762, 1763, 1764, 1765, 1766, 1767, 1768, 1769, 1770, 1771, 1772, 1773, 1774, 1775, 1776, 1777, 1778, 1779, 1780, 1781, 1782, 1783, 1784, 1785, 1786, 1787, 1788, 1789, 1790, 1791, 1792, 1793, 1794, 1795, 1796, 1797, 1798, 1799, 1800, 1801, 1802, 1803, 1804, 1805, 1806, 1807, 1808, 1809, 1810, 1811, 1812, 1813, 1814, 1815, 1816, 1817, 1818, 1819, 1820, 1821, 1822, 1823, 1824, 1825, 1826, 1827, 1828, 1829, 1830, 1831, 1832, 1833, 1834, 1835, 1836, 1837, 1838, 1839, 1840, 1841, 1842, 1843, 1844, 1845, 1846, 1847, 1848, 1849, 1850, 1851, 1852, 1853, 1854, 1855, 1856, 1857, 1858, 1859, 1860, 1861, 1862, 1863, 1864, 1865, 1866, 1867, 1868, 1869, 1870, 1871, 1872, 1873, 1874, 1875, 1876, 1877, 1878, 1879, 1880, 1881, 1882, 1883, 1884, 1885, 1886, 1887, 1888, 1889, 1890, 1891, 1892, 1893, 1894, 1895, 1896, 1897, 1898, 1899, 1900, 1901, 1902, 1903, 1904, 1905, 1906, 1907, 1908, 1909, 1910, 1911, 1912, 1913, 1914, 1915, 1916, 1917, 1918, 1919, 1920, 1921, 1922, 1923, 1924, 1925, 1926, 1927, 1928, 1929, 1930, 1931, 1932, 1933, 1934, 1935, 1936, 1937, 1938, 1939, 1940, 1941, 1942, 1943, 1944, 1945, 1946, 1947, 1948, 1949, 1950, 1951, 1952, 1953, 1954, 1955, 1956, 1957, 1958, 1959, 1960, 1961, 1962, 1963, 1964, 1965, 1966, 1967, 1968, 1969, 1970, 1971, 1972, 1973, 1974, 1975, 1976, 1977, 1978, 1979, 1980, 1981, 1982, 1983, 1984, 1985, 1986, 1987, 1988, 1989, 1990, 1991, 1992, 1993, 1994, 1995, 1996, 1997, 1998, 1999, 2000, 2001, 2002, 2003, 2004, 2005, 2006, 2007, 2008, 2009, 2010, 2011, 2012, 2013, 2014, 2015, 2016, 2017, 2018, 2019, 2020, 2021, 2022, 2023, 2024, 2025, 2026, 2027, 2028, 2029, 2030, 2031, 2032, 2033, 2034, 2035, 2036, 2037, 2038, 2039, 2040, 2041, 2042, 2043, 2044, 2045, 2046, 2047, 2048, 2049, 2050, 2051, 2052, 2053, 2054, 2055, 2056, 2057, 2058, 2059, 2060, 2061, 2062, 2063, 2064, 2065, 2066, 2067, 2068, 2069, 2070, 2071, 2072, 2073, 2074, 2075, 2076, 2077, 2078, 2079, 2080, 2081, 2082, 2083, 2084, 2085, 2086, 2087, 2088, 2089, 2090, 2091, 2092, 2093, 2094, 2095, 2096, 2097, 2098, 2099, 2100, 2101, 2102, 2103, 2104, 2105, 2106, 2107, 2108, 2109, 2110, 2111, 2112, 2113, 2114, 2115, 2116, 2117, 2118, 2119, 2120, 2121, 2122, 2123, 2124, 2125, 2126, 2127, 2128, 2129, 2130, 2131, 2132, 2133, 2134, 2135, 2136, 2137, 2138, 2139, 2140, 2141, 2142, 2143, 2144, 2145, 2146, 2147, 2148, 2149, 2150, 2151, 2152, 2153, 2154, 2155, 2156, 2157, 2158, 2159, 2160, 2161, 2162, 2163, 2164, 2165, 2166, 2167, 2168, 2169, 2170, 2171, 2172, 2173, 2174, 2175, 2176, 2177, 2178, 2179, 2180, 2181, 2182, 2183, 2184, 2185, 2186, 2187, 2188, 2189, 2190, 2191, 2192, 2193, 2194, 2195, 2196, 2197, 2198, 2199, 2200, 2201, 2202, 2203, 2204, 2205, 2206, 2207, 2208, 2209, 2210, 2211, 2212, 2213, 2214, 2215, 2216, 2217, 2218, 2219, 2220, 22

950606, gtopatg, HIV1.U. 276

387
-276-

CAGAACTACA (SEQ ID NO:374); AGAACTACAC (SEQ ID NO:375);
GAACTACACA (SEQ ID NO:376); AACTACACAC (SEQ ID NO:377);
ACTACACACC (SEQ ID NO:378); CTACACACCA (SEQ ID NO:379);
TACACACCAG (SEQ ID NO:380); ACACACCAGG (SEQ ID NO:381);
CACACCAGGG (SEQ ID NO:382); ACACCAGGGC (SEQ ID NO:383);
CACCAGGGCC (SEQ ID NO:384); ACCAGGGCCA (SEQ ID NO:385);
CCAGGGCCAG (SEQ ID NO:386); CAGGGCCAGG (SEQ ID NO:387);
AGGGCCAGGG (SEQ ID NO:388); GGGCCAGGGG (SEQ ID NO:389);
GGCCAGGGGT (SEQ ID NO:390); GCCAGGGGTC (SEQ ID NO:391);
CCAGGGGTCA (SEQ ID NO:392); CAGGGGTCAG (SEQ ID NO:393);
AGGGGTCAGA (SEQ ID NO:394); GGGGTCAGAT (SEQ ID NO:395);
GGGTCAGATA (SEQ ID NO:396); GGTTCAGATAT (SEQ ID NO:397);
GTCAGATATC (SEQ ID NO:398); TCAGATATCC (SEQ ID NO:399);
CAGATATCCA (SEQ ID NO:400); AGATATCCAC (SEQ ID NO:401);
GATATCCACT (SEQ ID NO:402); ATATCCACTG (SEQ ID NO:403);
TATCCACTGA (SEQ ID NO:404); ATGCACTGAC (SEQ ID NO:405);
TCCACTGACC (SEQ ID NO:406); CCACTGACCT (SEQ ID NO:407);
CACTGACCTT (SEQ ID NO:408); ACTGACCTTT (SEQ ID NO:409);
CTGACCTTTG (SEQ ID NO:410); TGACCTTTGG (SEQ ID NO:411);
GACCTTTGGA (SEQ ID NO:412); ACCTTTGGAT (SEQ ID NO:413);
CCTTTGGATG (SEQ ID NO:414); CTTTGGATGG (SEQ ID NO:415);
TTTGGATGGT (SEQ ID NO:416); TTGGATGGTG (SEQ ID NO:417);
TGGATGGTGC (SEQ ID NO:418); GGATGGTGCT (SEQ ID NO:419);
GATGGTGCTA (SEQ ID NO:420); ATGGTGCTAC (SEQ ID NO:421);
TGGTGCTACA (SEQ ID NO:422); GGTGCTACAA (SEQ ID NO:423);
GTGCTACAAG (SEQ ID NO:424); TGCTACAAGC (SEQ ID NO:425);
GCTACAAGCT (SEQ ID NO:426); CTACAAGCTA (SEQ ID NO:427);
TACAAGCTAG (SEQ ID NO:428); ACAAGCTAGT (SEQ ID NO:429);
CAAGCTAGTA (SEQ ID NO:430); AAGCTAGTAC (SEQ ID NO:431);
AGCTAGTACC (SEQ ID NO:432); GCTAGTACCA (SEQ ID NO:433);
CTAGTACCAG (SEQ ID NO:434); TAGTACCAGT (SEQ ID NO:435);
AGTACCAGTT (SEQ ID NO:436); GTACCAGTTG (SEQ ID NO:437);
TACCAGTTGA (SEQ ID NO:438); ACCAGTTGAG (SEQ ID NO:439);
CCAGTTGAGC (SEQ ID NO:440); CAGTTGAGCC (SEQ ID NO:441);
AGTTGAGCCA (SEQ ID NO:442); GTTGAGCCAG (SEQ ID NO:443);
TTGAGCCAGA (SEQ ID NO:444); TGAGCCAGAT (SEQ ID NO:445);
GAGCCAGATA (SEQ ID NO:446); AGCCAGATAA (SEQ ID NO:447);
GCCAGATAAG (SEQ ID NO:448); CCAGATAAGG (SEQ ID NO:449);

004500-EB494T60

330664, p1, 10/10/95, HIV1, 1.2, 277

388
-277-

CAGATAAGGT (SEQ ID NO:450); AGATAAGGTA (SEQ ID NO:451);
GATAAGGTAG (SEQ ID NO:452); ATAAGGTAGA (SEQ ID NO:453);
TAAGGTAGAA (SEQ ID NO:454); AAGGTAGAAG (SEQ ID NO:455);
AGGTAGAAGA (SEQ ID NO:456); GOTAGAAGAG (SEQ ID NO:457);
GTAGAAGAGG (SEQ ID NO:458); TAGAAGAGGC (SEQ ID NO:459);
AGAAGAGGCC (SEQ ID NO:460); GAAGAGGCCA (SEQ ID NO:461);
AAGAGGCCAA (SEQ ID NO:462); AGAGGCCAAT (SEQ ID NO:463);
GAGGCCAATA (SEQ ID NO:464); AGGCCAATAA (SEQ ID NO:465);
GGCCAATAAA (SEQ ID NO:466); GCCAATAAAG (SEQ ID NO:467);
CCAATAAAGG (SEQ ID NO:468); CAATAAAGGA (SEQ ID NO:469);
AATAAAGGAG (SEQ ID NO:470); ATAAAGGAGA (SEQ ID NO:471);
TAAAGGAGAG (SEQ ID NO:472); AAGGAGAGAA (SEQ ID NO:473);
AAGGAGAGAA (SEQ ID NO:474); AGGAGAGAAC (SEQ ID NO:475);
GGAGAGAACA (SEQ ID NO:476); GAGAGAACAC (SEQ ID NO:477);
AGAGAACACC (SEQ ID NO:478); GAGAACACCA (SEQ ID NO:479);
AGAACACCAG (SEQ ID NO:480); GAACACCAGC (SEQ ID NO:481);
AACACCAGCT (SEQ ID NO:482); ACACCAGCTT (SEQ ID NO:483);
CACCAGCTTG (SEQ ID NO:484); ACCAGCTTGT (SEQ ID NO:485);
CCAGCTTGTT (SEQ ID NO:486); CAGCTTGTTA (SEQ ID NO:487);
AGCTTGTTAC (SEQ ID NO:488); GCTTGTTACA (SEQ ID NO:489);
CTTGTTACAC (SEQ ID NO:490); TTGTTACACC (SEQ ID NO:491);
TGTTACACCC (SEQ ID NO:492); GTTACACCCCT (SEQ ID NO:493);
TTACACCCCTG (SEQ ID NO:494); TACACCCCTGT (SEQ ID NO:495);
ACACCCCTGTG (SEQ ID NO:496); CACCCCTGTGA (SEQ ID NO:497);
ACCCTGTGAG (SEQ ID NO:498); CCTGTGTGAGC (SEQ ID NO:499);
CCTGTGTGAGC (SEQ ID NO:500); CTGTGTGAGCCT (SEQ ID NO:501);
TGTGTGAGCCTG (SEQ ID NO:502); GTGTGAGCCTGC (SEQ ID NO:503);
TGAGCCTGCA (SEQ ID NO:504); GAGCCTGCGAT (SEQ ID NO:505);
AGCCTGCGATG (SEQ ID NO:506); GCGTGCATGG (SEQ ID NO:507);
CCTGCATGGA (SEQ ID NO:508); CTGCATGGAA (SEQ ID NO:509);
TGCATGGAAT (SEQ ID NO:510); GCATGGGAATG (SEQ ID NO:511);
CATGGGAATGG (SEQ ID NO:512); ATGGGAATGGA (SEQ ID NO:513);
TGGGAATGGAT (SEQ ID NO:514); GGAATGGGATG (SEQ ID NO:515);
GAATGGGATGA (SEQ ID NO:516); AATGGGATGAC (SEQ ID NO:517);
ATGGGATGACC (SEQ ID NO:518); TGGGATGACCC (SEQ ID NO:519);
GGATGACCCT (SEQ ID NO:520); GATGACCCTG (SEQ ID NO:521);
ATGACCCTGA (SEQ ID NO:522); TGACCCTGAG (SEQ ID NO:523);
GACCCTGAGA (SEQ ID NO:524); ACCCTGAGAG (SEQ ID NO:525);

09145783-000398

920806, g, Cooper, HIV1, USA, 278

389
-278-

CCCTGAGAGA (SEQ ID NO:526); CCTGAGAGAG (SEQ ID NO:527);
CTGAGAGAGA (SEQ ID NO:528); TGAGAGAGAA (SEQ ID NO:529);
GAGAGAGAG (SEQ ID NO:530); AGAGAGAGAGT (SEQ ID NO:531);
GAGAGAGAGTG (SEQ ID NO:532); AGAGAGAGTGT (SEQ ID NO:533);
GAGAGAGTGT (SEQ ID NO:534); AGAGAGTGTTA (SEQ ID NO:535);
GAAGTGTAG (SEQ ID NO:536); AAGTGTAGTA (SEQ ID NO:537);
AGTGTAGAG (SEQ ID NO:538); GTGTAGAGT (SEQ ID NO:539);
TGTTAGAGTG (SEQ ID NO:540); GTTAGAGTGG (SEQ ID NO:541);
TTAGAGTGG (SEQ ID NO:542); TAGAGTGGAG (SEQ ID NO:543);
AGAGTGGAGG (SEQ ID NO:544); GAGTGGAGGT (SEQ ID NO:545);
AGTGGAGGTT (SEQ ID NO:546); GTGGAGGTTT (SEQ ID NO:547);
TGGAGGTTTG (SEQ ID NO:548); GGAGGTTTGA (SEQ ID NO:549);
GAGGTTTGAC (SEQ ID NO:550); AGGTTTGACA (SEQ ID NO:551);
GGTTTGACAG (SEQ ID NO:552); GTTTGACAGC (SEQ ID NO:553);
TTTGACAGCC (SEQ ID NO:554); TTGACAGCCG (SEQ ID NO:555);
TGACAGCCGC (SEQ ID NO:556); GACAGCCGCC (SEQ ID NO:557);
ACAGCCGCCT (SEQ ID NO:558); CAGCCGCCTA (SEQ ID NO:559);
AGCCGCCTAG (SEQ ID NO:560); GCGCCCTAGC (SEQ ID NO:561);
CCGCCTAGCA (SEQ ID NO:562); CGCCTAGCAT (SEQ ID NO:563);
GCCTAGCATT (SEQ ID NO:564); CCTAGCATT (SEQ ID NO:565);
CTAGCATTT (SEQ ID NO:566); TTAGCATTTCA (SEQ ID NO:567);
AGCATTTCA (SEQ ID NO:568); GCATTTCA (SEQ ID NO:569);
CATTTCA (SEQ ID NO:570); ATTTCATCAC (SEQ ID NO:571);
TTTCATCACG (SEQ ID NO:572); TTCATCACGT (SEQ ID NO:573);
TCATCACGTG (SEQ ID NO:574); CATCACGTGG (SEQ ID NO:575);
ATCACGTGGC (SEQ ID NO:576); TCAGGTGGCC (SEQ ID NO:577);
CACGTGGCCC (SEQ ID NO:578); AGGTGGCCCC (SEQ ID NO:579);
CGTGGCCCCG (SEQ ID NO:580); GTGGCCCCGAG (SEQ ID NO:581);
TGGCCCCGAGA (SEQ ID NO:582); GGGCCCCGAGG (SEQ ID NO:583);
GCCCCGAGAGC (SEQ ID NO:584); CCGGAGAGCT (SEQ ID NO:585);
CCGAGAGCTG (SEQ ID NO:586); CGAGAGCTGC (SEQ ID NO:587);
GAGAGCTGCA (SEQ ID NO:588); AGAGCTGCAT (SEQ ID NO:589);
GAGCTGCATC (SEQ ID NO:590); AGCTGCATCC (SEQ ID NO:591);
GCTGCATCCG (SEQ ID NO:592); CTGCATCCGG (SEQ ID NO:593);
TGCATCCGGA (SEQ ID NO:594); GCATCCGGAG (SEQ ID NO:595);
CATCCGGAGT (SEQ ID NO:596); ATCCGGAGTA (SEQ ID NO:597);
TCCGGAGTAC (SEQ ID NO:598); CCGGAGTACT (SEQ ID NO:599);
CGGAGTACTT (SEQ ID NO:600); GGAGTACTTC (SEQ ID NO:601);

001443-000000

950604.g/seq/seq/HIV1.LTR.279

590
-279-

GAGTACTTCA (SEQ ID NO:602); AGTACTTCAA (SEQ ID NO:603);
GTACTTCAAG (SEQ ID NO:604); TACTTCAAGA (SEQ ID NO:605);
ACTTCAAGAA (SEQ ID NO:606); CTTCAAGAAC (SEQ ID NO:607);
TTCAAGAACT (SEQ ID NO:608); TCAAGAACTG (SEQ ID NO:609);
CAAGAACTGC (SEQ ID NO:610); AAGAACTGCT (SEQ ID NO:611);
AGAACTGCTG (SEQ ID NO:612); GAAGCTGCTGA (SEQ ID NO:613).

109. A method according to claim 103 wherein said deletion encompasses at least one of the following decanucleotides from *nef* gene of HIV-1_{NL43}:

ACCAGCTTGT (SEQ ID NO:803) CCAGCTTGTT (SEQ ID NO:804)
CAGCTTGTTA (SEQ ID NO:805) AGCTTGTTAC (SEQ ID NO:806)
GCTTGTTACA (SEQ ID NO:807) CTTGTTACAC (SEQ ID NO:808)
TTGTTACACC (SEQ ID NO:809) TGTTACACCC (SEQ ID NO:810)
GTTACACCCT (SEQ ID NO:811) TTACACCCTG (SEQ ID NO:812)
TACACCCTGT (SEQ ID NO:813) ACACCCTGTG (SEQ ID NO:814)
CACCCCTGTGA (SEQ ID NO:815) ACCCTGTGAG (SEQ ID NO:816)
CCCTGTGAGC (SEQ ID NO:817) CCTGTGAGCC (SEQ ID NO:818)
CTGTGAGCCT (SEQ ID NO:819) TGTGAGCCTG (SEQ ID NO:820)
GTGAGCCTGC (SEQ ID NO:821) TGAGCCTGCA (SEQ ID NO:822)
GAGCCTGCAT (SEQ ID NO:823) AGCCTGCATG (SEQ ID NO:824)
GCCTGCATGG (SEQ ID NO:825) CCTGCATGGA (SEQ ID NO:826)
CTGCATGGAA (SEQ ID NO:827) TGCATGGAAAT (SEQ ID NO:828)
GCATGGAAATG (SEQ ID NO:829) CATGGAAATGG (SEQ ID NO:830)
ATGGAAATGGA (SEQ ID NO:831) TGGAAATGGAT (SEQ ID NO:832)
GGAATGGATG (SEQ ID NO:833) GAATGGATGA (SEQ ID NO:834)
AATGGATGAC (SEQ ID NO:835) ATGGATGACC (SEQ ID NO:836)
TGGATGACCC (SEQ ID NO:837) GATGACCCTT (SEQ ID NO:838)
GATGACCCTG (SEQ ID NO:839) ATGACCCTGA (SEQ ID NO:840)
TGACCCTGAG (SEQ ID NO:841)

110. A method according to claim 103 wherein said deletion encompasses at least one of the following decanucleotides from the LTR region of HIV-1_{NL43}:

GCTTTTGGCC (SEQ ID NO:652); CTTTTTGCCT (SEQ ID NO:653);
TTTTTGCCTG (SEQ ID NO:654); TTTTGCCTGT (SEQ ID NO:655);
TTTGCCTGTA (SEQ ID NO:656); TTGCCTGTAC (SEQ ID NO:657);
TGCCTGTACT (SEQ ID NO:658); GCCTGTACTG (SEQ ID NO:659);
CCTGTACTGG (SEQ ID NO:660); CTGTACTGGG (SEQ ID NO:661);

000000-000000

930404.pptepq.hiv1.220

391
-280-

TGTACTGGGT (SEQ ID NO:662); GTACTGGGTC (SEQ ID NO:663);
TACTGGGTCT (SEQ ID NO:664); ACTGGGTCTC (SEQ ID NO:665);
CTGGGTCTCT (SEQ ID NO:666); TGGGTCTCTC (SEQ ID NO:667);
GGGTCTCTCT (SEQ ID NO:668); GGTCTCTCTG (SEQ ID NO:669);
GTCTCTCTGG (SEQ ID NO:670); TCTCTCTGGT (SEQ ID NO:671);
CTCTCTGGTT (SEQ ID NO:672); TCTCTGGTTA (SEQ ID NO:673);
CTCTGGTTAG (SEQ ID NO:674); TCTCTGGTTA (SEQ ID NO:675);
CTGGTTAGAC (SEQ ID NO:676); TGGTTAGACC (SEQ ID NO:677);
GGTTAGACCA (SEQ ID NO:678); GTTAGACCAAG (SEQ ID NO:679);
TTAGACCAGA (SEQ ID NO:680); TAGACCAAGAT (SEQ ID NO:681);
AGACCAGATC (SEQ ID NO:682); GAGCAGATCT (SEQ ID NO:683);
ACCAGATCTG (SEQ ID NO:684); CCAGATCTGA (SEQ ID NO:685);
CAGATCTGAG (SEQ ID NO:686); AGATCTGAGC (SEQ ID NO:687);
GATCTGAGCC (SEQ ID NO:688); ATCTGAGCCT (SEQ ID NO:689);
TCTGAGCCTG (SEQ ID NO:690); CTGAGCCTGG (SEQ ID NO:691);
TGAGCCTGGG (SEQ ID NO:692); GAGCCTGGGA (SEQ ID NO:693);
AGCCTGGGAG (SEQ ID NO:694); GCCTGGGAGC (SEQ ID NO:695);
CCTGGGAGCT (SEQ ID NO:696); CTGGGAGCTC (SEQ ID NO:697);
TGGGAGCTCT (SEQ ID NO:698); GGGAGCTCTC (SEQ ID NO:699);
GGAGCTCTCT (SEQ ID NO:700); GAGCTCTCTG (SEQ ID NO:701);
AGCTCTCTGG (SEQ ID NO:702); GCTCTCTGGC (SEQ ID NO:703);
CTCTCTGGCT (SEQ ID NO:704); TCTCTGGCTA (SEQ ID NO:705);
CTCTGGCTAA (SEQ ID NO:706); TCTGGCTAAC (SEQ ID NO:707);
CTGGCTAACT (SEQ ID NO:708); TGGCTAACTA (SEQ ID NO:709);
GGCTAACTAG (SEQ ID NO:710); GCTAACTAGG (SEQ ID NO:711);
CTAACTAGGG (SEQ ID NO:712); TAACTAGGGA (SEQ ID NO:713);
AACTAGGGAA (SEQ ID NO:714); ACTAGGGAAAC (SEQ ID NO:715);
CTAGGGAACC (SEQ ID NO:716); TAGGGAACCC (SEQ ID NO:717);
AGGGAACCCA (SEQ ID NO:718); GGGGAACCCAC (SEQ ID NO:719);
GGAACCCACT (SEQ ID NO:720); GAGCCCACTG (SEQ ID NO:721);
AACCCACTGC (SEQ ID NO:722); AGCCACTGCT (SEQ ID NO:723);
CCCACTGCTT (SEQ ID NO:724); CCACTGCTTA (SEQ ID NO:725);
CACTGCTTAA (SEQ ID NO:726); ACTGCTTAAG (SEQ ID NO:727);
CTGCTTAAGC (SEQ ID NO:728); TGCTTAAGCC (SEQ ID NO:729);
GCTTAAGCCT (SEQ ID NO:730); CTTAAGCCTC (SEQ ID NO:731);
TTAAGCCTCA (SEQ ID NO:732); TAAGCCTCAA (SEQ ID NO:733);
AAGCCTCAAT (SEQ ID NO:734); AGCCTCAATA (SEQ ID NO:735);
GCCTCAATAA (SEQ ID NO:736); CCTCAATAAA (SEQ ID NO:737);

09145783-090398

281. www.mv1.com - MV1.com

392
-285-

| | | | |
|-------------|-------------------|-------------|-------------------|
| CTCAATAAAG | (SEQ ID NO: 738); | TCAATAAAGC | (SEQ ID NO: 739); |
| CAATAAAGCT | (SEQ ID NO: 740); | AATAAAGCTT | (SEQ ID NO: 741); |
| ATAAAGCTTG | (SEQ ID NO: 742); | TAAAGCTTGC | (SEQ ID NO: 743); |
| AAAGCTTGCC | (SEQ ID NO: 744); | AAGCTTGCCT | (SEQ ID NO: 745); |
| AGCTTGCCCT | (SEQ ID NO: 746); | GCTTGCCCTG | (SEQ ID NO: 747); |
| CTTGCCCTGA | (SEQ ID NO: 748); | TTGCCCTGAG | (SEQ ID NO: 749); |
| TGCCCTGAGT | (SEQ ID NO: 750); | GCCTTGAGTG | (SEQ ID NO: 751); |
| CCTTGAGTGC | (SEQ ID NO: 752); | CTTGAGTGCCT | (SEQ ID NO: 753); |
| TTGAGTGCCTT | (SEQ ID NO: 754); | TGAGTGCCTTC | (SEQ ID NO: 755); |
| GAGTGCCTTCA | (SEQ ID NO: 756); | AGTGCCTTCAA | (SEQ ID NO: 757); |
| GTGCTTCAAG | (SEQ ID NO: 758); | TGCTTCAAGT | (SEQ ID NO: 759); |
| GCTTCAAGTA | (SEQ ID NO: 760); | CTTCAAGTAG | (SEQ ID NO: 761); |
| TTCAAGTAGT | (SEQ ID NO: 762); | TCAAGTAGTG | (SEQ ID NO: 763); |
| CAAGTAGTGT | (SEQ ID NO: 764); | AAGTAGTGTG | (SEQ ID NO: 765); |
| AGTAGTGTGT | (SEQ ID NO: 766); | GTAGTGTGTG | (SEQ ID NO: 767); |
| TAGTGTGTGC | (SEQ ID NO: 768); | AGTGTGTGCC | (SEQ ID NO: 769); |
| GTGTGTGCCC | (SEQ ID NO: 770); | TGTGTGCCCC | (SEQ ID NO: 771); |
| GTGTGCCCCG | (SEQ ID NO: 772); | TGTGCCCCGTC | (SEQ ID NO: 773); |
| GTGCCCCGTCT | (SEQ ID NO: 774); | TGCCCCGTCTG | (SEQ ID NO: 775); |
| GCCCGTCTGT | (SEQ ID NO: 776); | GCCGTCTGTT | (SEQ ID NO: 777); |
| CCGTCTGTTG | (SEQ ID NO: 778); | CGTCTGTTGT | (SEQ ID NO: 779); |
| GTCTGTTGTG | (SEQ ID NO: 780); | TCTGTTGTGT | (SEQ ID NO: 781); |
| CTGTTGTGTG | (SEQ ID NO: 782); | TGTTGTGTGA | (SEQ ID NO: 783); |
| GTTGTGTGAC | (SEQ ID NO: 784); | TTGTGTGACT | (SEQ ID NO: 785); |
| TGTGTGACTC | (SEQ ID NO: 786); | GTGTGACTCT | (SEQ ID NO: 787); |
| TGTGTGACTC | (SEQ ID NO: 788); | GTGTGACTCT | (SEQ ID NO: 789); |
| TGTGACTCTG | (SEQ ID NO: 790); | GTGACTCTGG | (SEQ ID NO: 791); |
| TGACTCTGGT | (SEQ ID NO: 792); | GACTCTGGTA | (SEQ ID NO: 793); |
| ACTCTGGTAA | (SEQ ID NO: 794); | CTCTGGTAAC | (SEQ ID NO: 795); |
| TCTGGTAACT | (SEQ ID NO: 796); | CTGGTAACTA | (SEQ ID NO: 797); |
| TGGTAACTAG | (SEQ ID NO: 798); | GGTAACTAGA | (SEQ ID NO: 799); |

111. A method for determining the pathogenicity of a strain of HIV-1 after said HIV-1 strain infects cells of an individual, said method comprising contacting a biological sample from said individual with a peptide corresponding to a deleted or truncated region of an HIV-1-derived protein and screening for the absence of antibody binding to said peptide, wherein the absence of antibody binding is indicative of a deletion or

UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE

950606, p. 10, HIV-1, L. 1, 282

393
-282-

truncation in that protein and further indicative of the non-pathogenicity of said strain of HIV-1.

112. A method according to claim 111 wherein the HIV-1-derived protein is Nef.

113. A method according to claim 112 wherein the peptide comprises or is within amino acids 162-177 of Nef from HIV-1_{NL43}.

114. A method for determining the pathogenicity of a strain of HIV-1 after said HIV-1 strain infects cells of an individual, said method comprising contacting a biological sample from said individual with an effective amount of a peptide having an amino acid sequence comprising or within amino acids 162-177 of wild-type HIV-1_{NL43} Nef, said contact being for a time and under conditions sufficient for an antibody if present in said biological sample to form a complex with said peptide and then detecting the presence of said complex wherein the absence of a complex in an individual seropositive for HIV-1 is indicative of that individual being infected with a non-pathogenic strain of HIV-1.

115. A method for determining the pathogenicity of an HIV-1 strain after said HIV-1 strain infects cells of an individual, said method comprising determining the presence of a mutation in the genome of said HIV-1 wherein the presence of the mutation results in a Nef protein substantially lacking amino acids 162 to 177 of Nef of a wild-type strain of HIV-1 and wherein said mutation is indicative of a non-pathogenic strain of HIV-1.

116. A method according to claim 115 wherein the presence of the mutation is indicated by a substantial absence of binding of an antibody specific to a region of Nef protein defined by amino acids 162 to 177 of wild-type HIV-1 Nef protein.

117. A synthetic peptide comprising a sequence of amino acids defined by SEQ ID NO:801 or a part or fragment thereof.

118. Antibodies to the synthetic peptide defined in claim 117.

09145783-090399

938604, g. 10/10/10, 10/10/10, 10/10/10

39A
- 283 -

119. A method for determining the risk of an individual seropositive for HIV-1 developing symptoms of AIDS, said method comprising contacting antibodies from said patient with a synthetic peptide defined by SEQ ID NO:201 or a part or derivative thereof and detecting non-binding of antibodies to said peptide wherein the substantial absence of antibodies to said peptide is indicative of a low risk of the individual developing AIDS.

Add
B5

Add D5

00145703 * E8294T60